



Centro de Investigación en Métodos  
de Producción de Software

Sistemas de Información

Máster Universitario en Ingeniería del Software,  
Métodos Formales y Sistemas de Información.

# Estudio del método de Ingeniería Web OOWS 2.0 para el desarrollo del portal de genómica personalizada de GemBiosoft

Septiembre **2012**

Victoria López Clemente

*vlopez@pros.upv.es*

**Director:** Óscar Pastor López *opastor@pros.upv.es*

**Co-Director:** Francisco Valverde Giromé *fvalverde@pros.upv.es*



UNIVERSITAT  
POLITÈCNICA  
DE VALÈNCIA



## Contenido

<b>Introducción .....</b>	<b>6</b>
1.1 Portales genómicos: Introducción.....	6
1.2 Motivación .....	7
1.3 Contexto.....	8
1.4 Objetivos.....	8
1.5 Estructura .....	9
<b>Background metodológico .....</b>	<b>11</b>
2.1 Introducción a OOWS.....	11
2.2 OOWS 2.0.....	11
2.2.1 Modelado Conceptual.....	12
2.2.2 Modelo de Interacción Abstracto.....	13
<b>Background Bioinformático: Portales de genómica personalizada.....</b>	<b>20</b>
3.1 Definición .....	21
3.2 Servicios genómicos .....	21
3.3 Usuario objetivo .....	24
3.4 Características.....	24
<b>Análisis de un portal de genómica personalizada mediante el método OOWS 2.0....</b>	<b>28</b>
4.1 Introducción a deCODEme.....	28
4.1.1 Servicios .....	29
4.1.2 Organización del portal .....	29
4.2 Modelado de deCODEme utilizando OOWS 2.0.....	31
4.2.1 Mapa de Interacción.....	32
4.2.2 Usuarios.....	33
4.2.3 Escenarios seleccionados.....	34
4.3 Conclusiones:.....	50
4.3.1 Carencias y mejoras en la aplicación del método.....	50
4.3.2 Carencias y puntos a favor del portal deCODEme.....	59
<b>Desarrollo sistemático de un sistema de genómica personalizada .....</b>	<b>60</b>
5.1 Motivación .....	60
5.1.1 Que es un CMS.....	60
5.2 Análisis de las herramientas de desarrollo.....	62
5.2.1 Desarrollo desde cero.....	62

5.2.2	Framework.....	63
5.2.3	CMS.....	64
5.3	Selección de la tecnología .....	64
5.3.1	Lenguaje de Programación.....	64
5.3.2	Elección del CMS.....	65
5.3.3	Elección de la base de datos .....	66
5.4	Descripción detallada de dotCMS.....	66
5.4.1	Contenidos principales de dotCMS.....	66
5.4.2	Sistema de archivos.....	68
5.4.3	Interfaces.....	69
5.4.4	Sistemas de autenticación .....	71
5.5	Diseño e implementación del portal GemBiosoft .....	71
5.5.1	Misión .....	72
5.5.2	Diseño e implementación del portal .....	72
5.6	Adaptación de GemBiosoft a las características de los portales genómicos .....	80
	<b>Conclusiones .....</b>	<b>82</b>
6.1	Publicaciones.....	83
6.2	Líneas Futuras.....	83
	<b>Referencias.....</b>	<b>84</b>
	<b>Anexos.....</b>	<b>87</b>

## Índice de Figuras:

Figura 1 Fase de Modelado Conceptual del método OOWS 2.0 .....	12
Figura 2 Ejemplo de un Mapa de Usuarios de OOWS 2.0 .....	14
Figura 3 Ejemplo de Mapa de Interacción .....	15
Figura 4 Ejemplo de PAIU .....	16
Figura 6 Evolución del coste de secuenciación del genoma humano .....	22
Figura 7 Proceso de contratación de una secuenciación genómica personalizada .....	23
Figura 8 Página Home de deCODEme .....	30
Figura 9 Mapa de Interacción de deCODEme .....	32
Figura 10 Mapa de usuarios de deCODEme .....	33
Figura 11 Página de Inicio de sesión de deCODEme .....	34
Figura 12 Mapa de Interacción perteneciente al escenario Login .....	35
Figura 13 Página correspondiente al contexto Health Watch Result .....	37
Figura 14 Mapa de interacción correspondiente al contexto Health Watch Results .....	38
Figura 15 PAUI del contexto Health Watch Result.....	39
Figura 16 Página correspondiente a Health Watch Results.....	40
Figura 17 Página correspondiente al contexto Forum.....	41
Figura 18 Mapa de Interacción perteneciente al contexto Forum .....	42
Figura 19 Página perteneciente al contexto Customer Histories .....	44
Figura 20 Mapa de Interacción del contexto Customer Histories .....	45
Figura 21 PAIU del contexto Customer Stories .....	46
Figura 22 Página perteneciente al contexto Profile .....	47
Figura 23 Página perteneciente al contexto Settings.....	47
Figura 24 Mapa de Interacción del Contexto Settings.....	48
Figura 25 Página correspondiente al contexto Complete Scan .....	53
Figura 26 Meta-modelo del Filtro avanzado.....	55
Figura 27 Página correspondiente al contexto Overview.....	56
Figura 28 Meta-modelo de la Navegación Condicionada .....	56
Figura 29 Mapa de Interacción de la página deCODEme .....	57
Figura 29 Meta-modelo del mapa navegacional .....	58
Figura 30 Componentes principales de dotCMS .....	67
Figura 31 Interfaz de administración de la estructura del portal.....	68
Figura 32 Interfaz de administración del contenido de tipo HTML Page .....	69
Figura 35 Mapa de Usuarios de GemBiosoft.....	73

## Índice de Tablas:

Tabla 1 Plantilla de Contexto.....	15
Tabla 2 Ejemplo de SAIU .....	17
Tabla 3 Detalles del contexto Login.....	35
Tabla 4 SAUI del contexto Login .....	36
Tabla 5 Detalles del contexto Your Results.....	38
Tabla 6 SAIU del contexto Your Results .....	40
Tabla 7 Detalles del contexto Topic Details .....	42
Tabla 8 Detalles del Contexto Stories .....	45
Tabla 9 Detalles del contexto Settings.....	48
Tabla 10 Summary View del contexto Settings .....	49
Tabla 11 SAIU del contexto Settings.....	49
Tabla 12 SAUI del contexto Settings.....	50
Tabla 13 Atributos de la estructura Gem News & Events.....	76

Tabla 14 Atributos de la estructura Publication.....	77
Tabla 15 Atributos de la estructura Diagen Kits.....	79

## Capítulo 1

# Introducción

Durante el desarrollo del presente trabajo se expondrá una descripción general, la motivación, objetivos y estructura de la presente investigación.

- En la descripción general se introducen los portales de genómica personalizada para definir que son y el motivo por el que se desarrollan.
- En el apartado referente a la motivación se enfocará el problema al que nos hemos enfrentado.
- En el contexto se enmarca la problemática del presente trabajo y cómo se ha abordado para resolver las preguntas de investigación.
- En lo referente a los objetivos se especificará aquellos de carácter general que se pretenden alcanzar a lo largo del este trabajo.
- Finalmente, se describe la estructura y contenido del trabajo, que ayudará a situar al lector a lo largo de la tesina.

### 1.1 Portales genómicos: Introducción.

El sistema sanitario que conocíamos hasta hoy está cambiando a una manera vertiginosa. Con la evolución de las Tecnologías de la Información y la Comunicación, [1] hoy en día existe una infinidad de software para el área de la salud que facilita desde la gestión de un hospital hasta el acceso al historial médico. Sin embargo, una rama de la biología que se ha introducido recientemente en los sistemas de información es la relacionada con la genética humana.

Esta rama se apoya en la bioinformática, donde a través de chips de secuenciación genómica [1] es posible obtener análisis genéticos rápidos con una información genómica de gran potencial clínico.

Es por ello que hoy en día se pueden escuchar nuevos términos como e-salud o e-genética, definida por [2] como:

*“la aplicación del paradigma de internet a estas nuevas tecnologías genómicas diseñadas para la obtención, gestión y análisis de información genética de utilidad en la salud”.*

El auge por la e-genética ha provocado un crecimiento de compañías dedicadas a analizar el ADN de sus usuarios mediante chips para estudiar sus SNPs. [4]

La conexión del ADN personal con los Sistemas de Información [5] ha sido la clave para crear diagnósticos sobre la salud a través de la genética. Parte de los datos analizados ofrecen información sobre la predisposición a padecer o no ciertas enfermedades y conocer los fármacos que mejor actúan o son menos dañinos para el organismo.

## 1.2 Motivación

Los métodos de desarrollo de software por modelos (DSDM) tienen el propósito de elevar el nivel de abstracción en el desarrollo de software para dotar a los modelos conceptuales de una mayor importancia en el desarrollo de software actual. Los elementos creados en la fase de análisis son modelos que guían el desarrollo o que se transforman en código fuente a través de un compilador de modelos. Estos mecanismos pretenden separar la especificación de la estructura y la funcionalidad del sistema de la implementación final.

En todo desarrollo de software, una de las principales problemáticas que aparecen es la incapacidad de afrontar adecuadamente los cambios en la etapa de especificación de requisitos. Este hecho produce inconsistencias entre requerimientos, diseño y programación. En este sentido, los errores más comunes y más costosos de reparar, se deben a una inadecuada especificación de requisitos y la falta de un análisis riguroso. Una de las ventajas evidentes de los métodos de DSDM es que se centran más profundamente en esta etapa, lo que implica obtener un análisis y una especificación de requisitos de mayor calidad.

Por otra parte, estos métodos son más flexibles y se adaptan mejor a los cambios en los requisitos. Cuando surgen nuevas necesidades o expectativas de los usuarios, el esfuerzo de realizar los cambios es muy reducido comparado con otros métodos ya que se realizan los cambios directamente sobre el modelo en vez de sobre el código fuente.

Los avances tecnológicos, en cuanto a la secuenciación del genoma humano, han provocado un crecimiento exponencial en la rama de la genómica personalizada hasta hace unos años inexistente. Diversos son los portales que se dedican a la explotación de estos datos genómicos. Estos portales deben de poder mantener grandes cantidades de información biológica, además de tener una gestión de información casi perfecta por la continua actualización de datos debido a nuevas investigaciones. Por esta razón deben de disponer de un sistema de información robusto y estable. Al analizar estos portales de genética personal nos preguntamos si cabría la posibilidad de que un método de DSDM pudiese soportar las características y funcionalidades de estos portales de web genómicos.



Con la finalidad de dar respuesta a esta pregunta resulta necesario verificar en un caso real si estos métodos cumplen completamente con los requisitos básicos de los portales de genómica personalizada.

### 1.3 Contexto

Esta tesis de máster se ha llevado a cabo en el Centro de Investigación en Métodos de Producción de Software (PROS) de la Universitat Politècnica de València.

Durante los últimos años, el Centro PROS ha dedicado una de sus líneas de investigación al DSDM y la generación automática de código. Esta línea de investigación pretende constituir una aproximación para el desarrollo de sistemas.

Los métodos de desarrollo software dirigido por modelos no han tenido una gran implantación en los proyectos de desarrollo web actuales. Estos métodos se han creado y desarrollado prácticamente en ambientes académicos.

La problemática a la que nos enfrentamos es que estos modelos no han sido probados en casos reales para confirmar su verdadera eficacia. Por consiguiente, esta escasez de pruebas verídicas para probar la validez del método ha dado pie a esta tesis de máster.

Es por ello que la presente tesis de máster parte del estudio inicial del método de modelado OOWS 2.0 desarrollado completamente en el Centro de Investigación PROS de la Universitat Politècnica de Valencia, junto con la creación del portal genómico para la empresa GemBiosoft <sup>1</sup>dedicada al análisis de variaciones genómicas en secuencias de ADN humano.

Esta empresa es una spin off de la Universitat Politècnica de València. La misión principal es desarrollar soluciones de software de alta calidad en el área de la Bioinformática, con la propósitos de ofrecer servicios a los clientes para la gestión de datos genómicos

### 1.4 Objetivos

La pregunta genérica de investigación que motiva este trabajo sería:

*¿Cuál es el soporte que ofrecen los métodos de Ingeniería Web dirigidos por modelos a los nuevos portales de genómica personalizada?*

La respuesta a esta pregunta no es trivial debido a la gran variedad de métodos Web dirigidos por modelos. Por ese motivo se ha restringido el estudio al método OOWS 2.0 [3]desarrollado en el Centro de Investigación PROS, de la Universitat Politècnica de

---

1. gembiosoft.com

2. decodeme.com

3. 23andme.com

4. decodeme.com

5. ADN Humano = 25000genes = 3.000 Mega bases de pares.

6. Un ejemplo claro lo podemos encontrar en decodaHealth

València aplicándolo a dos de los portales actuales más importantes de genética personal: deCODE<sup>2</sup> y 23andme<sup>3</sup>.

A su vez esta pregunta puede subdividirse en otras 4 preguntas:

1. *¿Cuáles son las características particulares que definen un portal de genómica personalizada?*
2. *¿Cuáles son las carencias de OOWS 2.0 para modelar un portal de genómica personalizada?*
3. *¿Cuáles son las mejoras necesarias en los modelos conceptuales de OOWS 2.0 para desarrollar un portal de genómica personalizada?*
4. *¿Cómo combinar las ventajas aportadas por la Ingeniería Web dirigida por modelos y por la funcionalidad aportada por un Sistema de Gestión de Contenidos Web (WCMS), para crear portales de genómica personalizada de forma eficiente y sencilla?*

Dadas las dimensiones del trabajo propuesto, este se ha dividido en dos tesis de máster. Esta tesis analiza el portal de deCODEme en las dos primeras sub-preguntas y se responde a la tercera sub-pregunta. En el trabajo realizado por [4] se analizan las dos primeras sub-preguntas con el caso de 23andme y responde a la última sub-pregunta.

En resumen, esta tesis tiene como objetivo general. Por una parte se aplica el método OOWS 2.0 al portal deCODEme para analizar las carencias y proponer mejoras para los casos más comunes.

Por otra parte, identificar los puntos fuertes y débiles del portal de deCODEme con el objetivo de aplicar los resultados de estudio a la creación del portal de genómica personalizada de la compañía GemBiosoft.

## 1.5 Estructura

La estructura que se ha seguido a lo largo de la tesis es la siguiente:

- En el **Capítulo 2** se introduce el método OOWS 2.0. En particular se detallan las fases en las que se compone el método y se describe más detalladamente la fase de modelado conceptual.
- En el **Capítulo 3** se define formalmente qué se entiende por un portal de genómica personalizada, detallando las características comunes y los servicios que pueden ofrecer. Además se detalla los usuarios a los que va dirigido este tipo de portales.
- En el **Capítulo 4** se introduce el portal de la compañía deCODE, que constituye un ejemplo práctico de la aplicación de OOWS 2.0 en un caso real. Se describen varios escenarios del portal y su respectivo modelo de OOWS 2.0. Para cada uno de ellos se describe el escenario, el modelado y los problemas encontrados en su

---

2. [decodeme.com](http://decodeme.com)  
3. [23andme.com](http://23andme.com)

realización. Además se proponen unas mejoras para adaptar el modelo a las webs actuales.

- En el **Capítulo 5** se describe los pasos seguidos para desarrollar el portal de genómica personalizada GemBiosoft siguiendo las características indicadas en el punto 3 del presente trabajo.
- Y finalmente, en el **Capítulo 6** se resume las conclusiones del trabajo de investigación de la tesis del máster, las publicaciones asociadas al trabajo realizado y se plantean las nuevas líneas de trabajo futuro.

## Capítulo 2

# Background metodológico

Esta sección introduce de manera general el método OOWS 2.0. Este método ha sido utilizado para la realización del análisis del portal de genómica personalizada que se detalla más extensamente en la sección 4 del presente documento. En particular se detallan las fases y más específicamente el modelado conceptual del método.

### 2.1 Introducción a OOWS.

OOWS [5] es un método definido completamente por el Centro de Investigación en Métodos de Producción de Software de la Universitat Politècnica de València. Esta metodología está basada en los modelos conceptuales de OO-Method [6] y se centra en el desarrollo de aplicaciones y servicios Web. Para ello OOWS crea un entorno de producción en el que define unos modelos conceptuales y estrategias para obtener de forma automática una aplicación web a partir de sus modelos.

El modelo de desarrollo de OOWS [9] está dividido en dos procesos bien diferenciados, la primera parte es la **especificación del sistema**, para ello se recopilan los requisitos y se desarrollan los modelos divididos en modelos del dominio, modelos dinámico, modelo funcional y modelo de navegación. Por otra parte se encuentra el **desarrollo de la solución**, esto es, una vez creados los modelos se genera automáticamente la aplicación siguiendo una estructura de tres capas: datos, la lógica del negocio y la presentación.

### 2.2 OOWS 2.0

El método OOWS 2.0 [3] es una extensión del método OOWS. Esta extensión se ha centrado en modificar sobre todo la fase de modelado conceptual explicada en la sección 2.2.1. En esta fase se han introducido nuevos conceptos de modelos para abordar de forma más efectiva las características más comúnmente utilizadas en las nuevas aplicaciones Web 2.0.

OOWS 2.0 está compuesto por cuatro fases, de las cuales solo la última es optativa:

1. **Modelado de requisitos** (Requirements Modelling): Técnica de captura de requisitos.
2. **Modelado Conceptual** (Conceptual Modelling): Fase principal que aborda la especificación de los modelos conceptuales.
3. **Compilación de modelos** (Models Compilation): Fase donde los modelos creados son utilizados como entrada del compilador.
4. **Diseño de Interfaz** (Presentation Design): Actividad opcional que consiste en la definición de plantillas CSS.

### 2.2.1 Modelado Conceptual.

La fase de modelado conceptual del método OOWS 2.0 es la fase principal del método donde se plantean los modelos conceptuales de la aplicación Web.

A partir de esta especificación conceptual es posible modelar la aplicación Web donde se encuentra la expresividad del método.

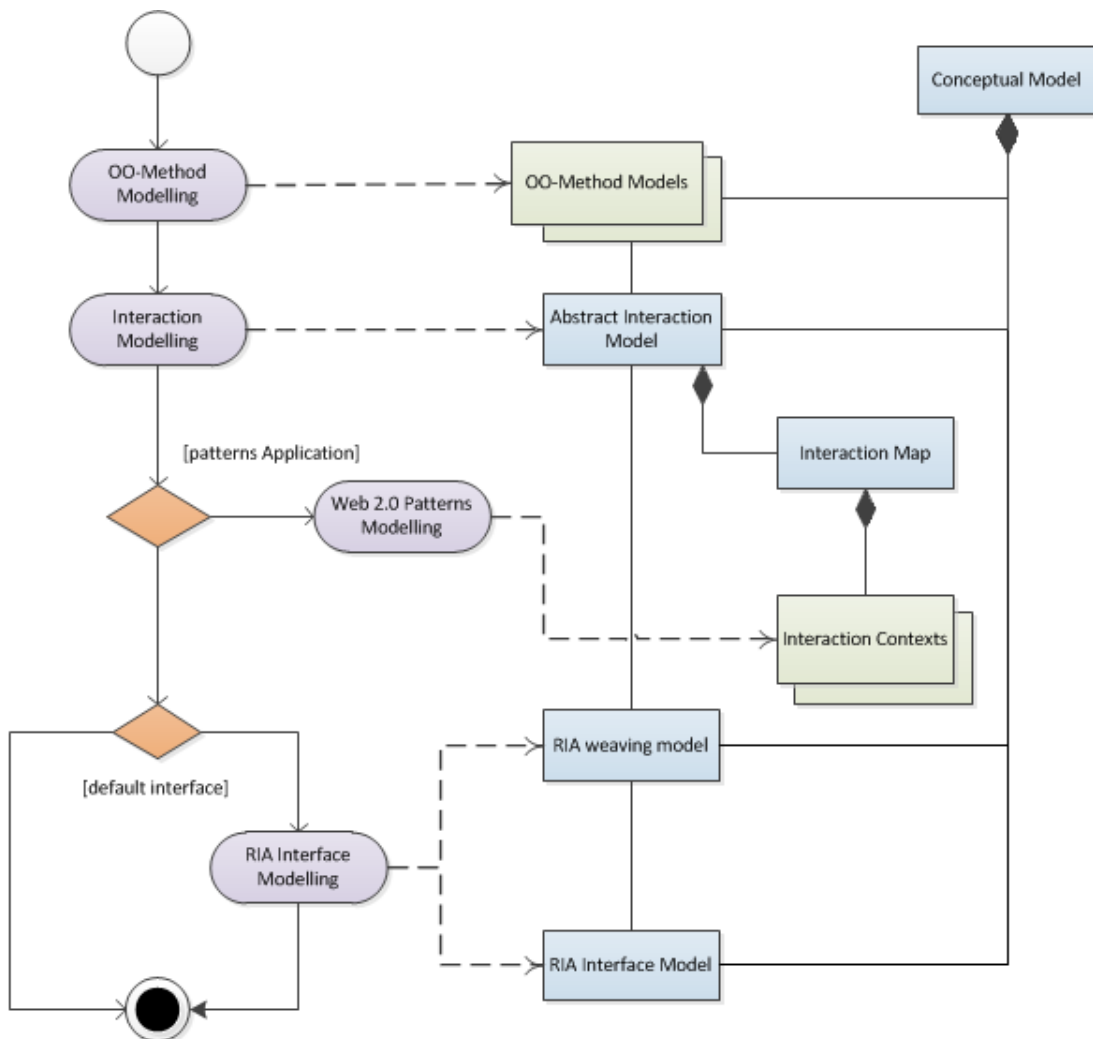


Figura 1 Fase de Modelado Conceptual del método OOWS 2.0

Como se puede observar en la (**Figura 1**) esta fase consta de 4 actividades:

**OO-Method Modeling:** construcción de los modelos de OO-Method. Esta actividad está compuesta por tres modelos procedentes del método OO-Method:

- *Modelo de Objetos:* es el modelo estructural del sistema. Este es representado mediante clases u objetos.
- *Modelo Dinámico:* en este modelo se utilizan diagramas de transición de estados, grafos de procesos, etc. para describir el comportamiento del producto software. También se usan diagramas de interacción entre objetos para representar la relación y dinamismo del sistema.
- *Modelo Funcional:* Representa el comportamiento del producto descomponiéndolo en sub-funciones con el fin de alcanzar el nivel de las transacciones atómicas.

La tarea principal de estos modelos es dar funcionalidad a la aplicación y representar la información a través de un conjunto de clases, modelando como van cambiando el estado de los objetos dependiendo de la interacción de los servicios.

- **Interaction Modelling:** esta actividad constituye un modelo que representa el proceso interactivo con el usuario. Este modelo se llama Modelo de Interacción Abstracto y define las acciones que tienen lugar entre el usuario humano y la interfaz de la aplicación Web. Esta actividad se explica más profundamente a continuación.
- **Web 2.0 Patterns Modelling:** esta actividad es opcional, en ella se aplican los patrones Web 2.0. Estos patrones son soluciones genéricas para expresar las interacciones comunes, pero a su vez complejas, que realiza el usuario con el sistema.
- **RIA Interface Modelling:** en esta actividad se realiza un modelo de la interfaz de la aplicación. Esta interfaz es realizada automáticamente por el método pero el analista puede decidir modificarla.

### 2.2.2 Modelo de Interacción Abstracto.

Se ha querido hacer especial hincapié en esta actividad del modelo conceptual debido a que es la parte del modelo que se analiza posteriormente. Como ya definió Francisco Valverde en su tesis doctoral [3] el Modelo de Interacción Abstracto representa el proceso interactivo con el usuario. Lo que quiere decir que define toda la relación que pueda el usuario con el sistema de información.

Los *Contextos de Interacción* (CI) son abstracciones de tareas que representan la interacción del usuario con el sistema (recuperan cierta información para ser mostrada o posibilitan la introducción y edición de información...). Estos CI son contenedores de *Unidades de Interacción Abstracta* (UIA).

Para poder definir el tipo de acceso que realiza un usuario a los diferentes CI se utilizan dos modelos complementarios: el *Diagrama de Usuarios* y el *Mapa de Interacción*.

### 2.2.2.1 Diagrama de Usuarios:

El Diagrama de Usuarios se utiliza para representar los distintos usuarios que estarán involucrados en el sistema. Dependiendo de las características del usuario este se divide en 3 tipos distintos:

- **Anónimo:** Estos usuarios no disponen de autenticación del sistema y solo pueden acceder a la parte pública.
- **Registrado:** Son usuarios que tienen un grado de privilegio en el sistema y disponen de autenticación.
- **Estructural:** No representa a un usuario real puesto que es un tipo auxiliar. Sin embargo se utiliza para definir tareas comunes entre varios tipos de usuarios.

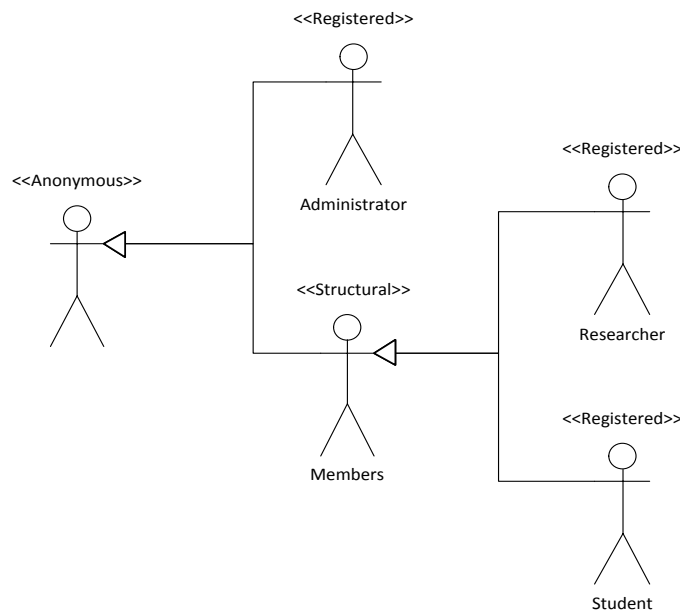


Figura 2 Ejemplo de un Mapa de Usuarios de OOWS 2.0

### 2.2.2.2 Mapa de interacción

El Mapa de Interacción se representa mediante un conjunto de Contextos de Interacción. De esta forma se consigue representar una vista general de la interacción del usuario con el sistema.

Los CI que componen el Mapa de Interacción se pueden clasificar en 4 tipos.

- **Inicial:** Es el CI por el que se accede al sistema por defecto. Solo puede haber uno por mapa de interacción.
- **Primer nivel:** Son CI que siempre se encuentran accesibles desde cualquier otro CI del mismo mapa de interacción.
- **Secuencia:** Son CI que solo se pueden llegar a través de otros CI.
- **Subsistema:** Representan agrupaciones de CI.

Cada mapa está asociado con un tipo de usuario definido en el mapa de usuarios, tal y como se muestra en la **Figura 3**.

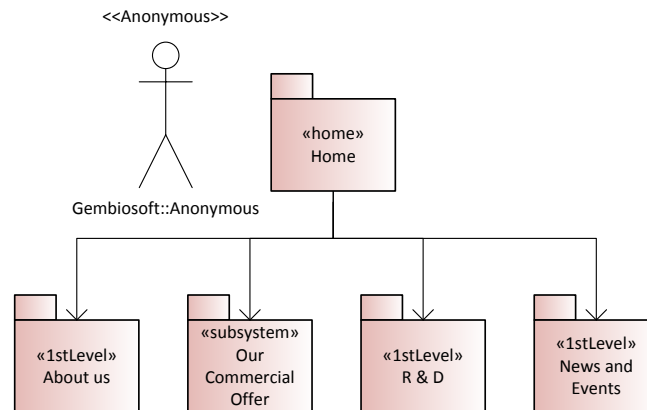


Figura 3 Ejemplo de Mapa de Interacción

Junto al mapa de interacción se acompaña unas plantillas como la que se muestra en la **Tabla 1**. Estas plantillas sirven para incluir detalles de los contextos que están representados en el mapa de interacción. De este modo se refuerza la información general del sistema, indicando de manera más clara desde que puntos del portal es posible navegar hasta este contexto, incluso indicar hacia que otros lugares del portal es posible navegar desde este contexto. Con todo ello, es más sencillo detectar los contextos importantes, ya que normalmente coinciden con los que tienen más navegaciones de entrada y/o salida.

<b>Nombre</b>	<b>Name</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Breve descripción del contexto
<b>URL</b>	Dirección.web.del.contexto.
<b>Alcanzable desde</b>	Nombre de los contextos que contienen una navegación apuntando hacia este.
<b>Contextos Alcanzables</b>	
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>

Tabla 1 Plantilla de Contexto



### 2.2.2.3 Unidades de Interacción Abstractas

Cada uno de los contextos que se muestran en un mapa de interacción está compuesto por una o varias *Unidades de Interacción Abstractas* (Abstract Interaction Units, AIU). Dependiendo del tipo de interacción que tenga con el usuario estas AIU se dividen en dos tipos: *PAIU* (Population AIU) recuperan algún tipo de información o *SAIU* (Service AIU) ejecutan una funcionalidad.

#### POPULATION AIU

Se utiliza para representar la recuperación de un conjunto de información utilizando una vista de un grupo de clases del modelo de Objetos. Cada clase que define esta vista es categorizada por *Manager Class* (clase directora desde la cual se recuperan todas las instancias, solo puede haber una por PAIU) o *Complementary Class* (solo se recuperan las instancias relacionadas con la Manager Class).

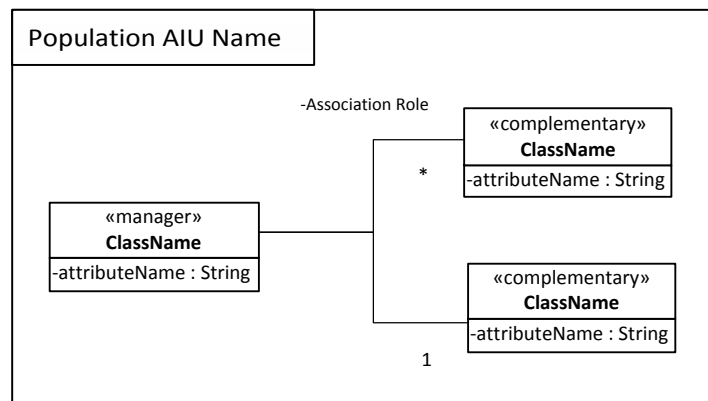


Figura 4 Ejemplo de PAIU

#### SERVICE AIU

Representan la ejecución de un servicio iniciado por el usuario. Un caso típico sería la introducción de valores y guardado de un formulario. Estos SAIU se representan mediante plantillas de especificación textual, como la mostrada en la **Tabla 2**. En ellas se relaciona la operación perteneciente a una clase con un conjunto de argumentos. Estas plantillas reciben unos argumentos de entrada que serán introducidos por el usuario. En el caso de que suceda algún error durante la ejecución es posible detallarlos junto con sus mensajes de salida.

<b>Service AIU</b>		<b>Name</b>		
<b>Service</b>		Class name.operation id		
<b>Input arguments</b>				
<b>Id</b>	<b>Alias</b>	<b>Type</b>	<b>Default</b>	<b>Constant</b>
String	<string>	Datatype: <cardinality> or {list_of_values}	Value	Bool
<b>Output Arguments</b>				
<b>Id</b>	<b>Alias</b>	<b>Type</b>	<b>Visibility</b>	
String	<string>	datatype: <cardinality>	Bool	
<b>Errors</b>		<b>Condition</b>	<b>Message</b>	
		<if expression>	string	

Tabla 2 Ejemplo de SAIU

#### 2.2.2.4 Patrones auxiliares de interacción

Para poder modelar de una forma simple las interacciones que suelen repetirse frecuentemente en un sistema, se desarrollaron los Patrones Auxiliares de Interacción. A continuación se enumeran estos patrones y su funcionalidad:

##### 1. FILTRO (FILTER)

Permite representar un mecanismo para limitar el número de instancias. Cuando un usuario activa el filtro, este comprueba cada una de las instancias y muestra solo aquellas que coinciden con el criterio de filtrado. Hay dos tipos de filtro dependiendo del comportamiento:

- *Dinámico*: es el usuario el que completa la fórmula de filtrado introduciendo un valor.
- *Estático*: es una fórmula cerrada que no puede ser modificada por el usuario. En este caso solo se puede elegir entre uno de los valores ya predeterminados.

##### 2. ÍNDICE (INDEX)

El índice está compuesto por una variable de tipo objeto. Cuando se aplica se muestra un conjunto de enlaces con los valores del atributo sobre el que está definido el índice. De este modo, al seleccionar uno de los enlaces, se muestran todas las instancias que coincidan con él. También es posible añadir junto a cada valor del índice un número que represente el número de instancias que puede contener.

### **3. VISTA RESUMIDA (SUMMARY VIEW)**

Este patrón se creó para evitar duplicar varias Population AIU de la misma instancia pero con menos detalle de información. En cambio para cada una de las instancias se genera un enlace, el cual al ser seleccionado, complementa la instancia con más información.

### **4. ORDENACIÓN (ORDER CRITERIA)**

Representa la opción de ordenar un conjunto de instancias por el valor de uno de sus atributos. Cuando una de estas opciones es seleccionada los elementos listados se reorganizan siguiendo un criterio alfanumérico.

### **5. PAGINACIÓN (PAGINATION)**

Este patrón se utiliza cuando se quiere listar una gran cantidad de información. La Paginación divide la información en varios conjuntos de datos. Dependiendo del mecanismo de acceso, es posible ir a cualquiera de los conjuntos de forma aleatoria mediante un índice numérico (*Random*) o por el contrario, solo ofrece la posibilidad de ir al primer y último conjunto, además del anterior y del siguiente (*Secuence*).

### **6. SELECCIÓN ENUMERADA (DEFINED LIST)**

La selección enumerada se aplica tanto a las SAIU como a los filtros. Al aplicar este patrón, se restringe cierta interacción del usuario. Este patrón limita los datos que puede añadir en un determinado campo, ofreciendo una lista de posibles valores que puede seleccionar. De esta manera se evita la introducción de valores erróneos.

### **7. REGLA DE VALIDACIÓN (VALIDATION RULE)**

Este patrón define un conjunto de reglas con el objetivo de poder validar los datos introducidos por el usuario. En el momento que se realiza una ejecución que tiene aplicada una regla de validación, el patrón comprueba si todos los valores introducidos cumplen con su expresión. En caso de que no se cumpla la condición, se muestra automáticamente en error para informar qué valor de los introducidos es incorrecto con el propósito de que pueda ser solucionado.

### **8. INICIALIZACIÓN DE ARGUMENTO (ARGUMENT SETTING)**

Este patrón se aplica a una Service AIU. Cuando se ejecuta un servicio es posible que alguno de los valores de entrada pueda derivarse de otro ya disponible. De esta manera, cuando el usuario introduce o cambia un valor también cambian los argumentos sobre los que se ha aplicado el patrón.

## **9. NAVEGACIÓN POR OBJETO (OBJECT NAVIGATION)**

Al cambiar de contexto es posible que se envíe un identificador de un objeto junto con esta transición. Cuando esto ocurre, la *Manager Class* de la Population AIU solo recupera la instancia que se recibe a través de la navegación. Por lo tanto, todas las clases complementarias solo mostrarán la información relacionada con esta instancia.

## **10. NAVEGACIÓN RELACIONAL (RELATIONSHIP NAVIGATION)**

Este patrón es similar al anterior con la diferencia de que no tiene el atributo de enlace. A diferencia de ello crea un enlace para cada una de las instancias del contexto de origen. Este enlace representa una relación entre una clase complementaria del contexto de origen con la *Manager Class* del contexto destino. A diferencia del Object Navigation, esta clase directora puede mostrar más de una instancia.

## **11. NAVEGACIÓN DE SERVICIO (SERVICE NAVIGATION)**

Este patrón define una navegación que se activará al terminar de ejecutar un servicio. Esta navegación puede llevarse a cabo si el servicio se ha ejecutado correctamente o no, dependiendo del resultado de la condición definida. Para que esta navegación se realice o no, es necesaria la intervención del usuario. Si este patrón no ha sido activado la navegación se realiza hacia donde el servicio fue iniciado.

## **12. FILTRO NAVEGACIONAL (NAVIGATION FILTER)**

Este patrón activa un filtro automático en la navegación entre contextos. De manera se mostraran únicamente las instancias que coincidan con el filtro especificado en el contexto destino. En este filtro solamente pueden definirse formulas estáticas ya que no requieren de la intervención del usuario.

## **13. EDICIÓN DE INSTANCIA (INSTANCE EDITION)**

Al querer gestionar una instancia resulta imprescindible utilizar una Population AIU para recoger la instancia, y tres Service AIU para poder crearla, modificarla o eliminarla. Este patrón engloba estas 4 AIU, combinando la semántica de cada una de ellas. El analista puede elegir cuál de las opciones de recogida de datos, creación, modificación o eliminación será soportada.

## Capítulo 3

# Background Bioinformático: Portales de genómica personalizada.

Actualmente, las tecnologías de la información están transformando la sociedad que conocíamos hasta ahora, favoreciendo la globalización y la interconexión en una gran diversidad de ámbitos. La posibilidad de compartir información a través de productos y servicios afecta cada vez a más áreas de conocimiento.

Gracias a la evolución de las tecnologías para secuenciar el ADN, hoy en día es posible comparar dos secuencias de ADN distintas a partir de una secuencia de referencia. Su objetivo es encontrar diferencias entre los genotipos [7] para poder detectar expresiones de fenotipos.

A medida que avanzan las tecnologías, la secuenciación del ADN es un proceso cada vez más barato de realizar (**Figura 5**). Esto ha llevado como resultado la aparición de análisis genómicos para individuos, lo que conocemos hoy en día como *genómica personalizada* [8].

La genómica personalizada es, por consiguiente, el análisis del genoma de un individuo en particular con la misión de encontrar mutaciones en su ADN que puedan implicar la aparición de enfermedades.

La secuenciación del análisis genómico puede proporcionar una gran cantidad de información que brinda la oportunidad de conocer el estado actual de la salud de un individuo. Con la secuenciación se permite:

- Conocer el porcentaje de riesgo de un individuo a padecer una determinada enfermedad o ver la probabilidad de transferírselas a sus hijos.
- Realizar un estudio de los ancestros con el fin de localizar familiares o informar sobre el origen étnico de la persona.

- Ofrecer consejos sobre buenos hábitos de vida para disminuir el riesgo de contraer enfermedades.
- Detección de los medicamentos más eficientes o que resultan menos nocivos para nuestra salud.

Desde que James Watson [9] publicó en el 2007 la secuencia completa de su propio genoma en internet, el interés de la población por conocer su propia información genética ha aumentado vertiginosamente. Hasta entonces, el análisis genético simplemente era considerado una herramienta para el diagnóstico médico, usado siempre dentro de marco sanitario.

Este interés creciente de la población por la genómica, ha dado cabida a nuevas aplicaciones hasta hace pocos años impensables de aplicar, como son los portales web orientados a la genómica personal [10]. Estos portales nacieron con la idea de ofrecer sus servicios a los usuarios a partir del resultado obtenido por la secuenciación de su ADN, un ejemplo claro lo tenemos en el portal de deCODEme<sup>4</sup>.

### 3.1 Definición

Los portales de genómica personalizada son portales web dedicados a ofrecer servicios relacionados con el análisis del genoma de un individuo en particular.

Los primeros portales de genómica personal aparecieron con el objetivo de mostrar al público información relativa con el ADN humano. Estos portales han sido diseñados para proveer servicios tanto a usuarios interesados en la salud como profesionales de la salud que quieren mejorar los diagnósticos de sus pacientes, de esta manera pueden aprovecharse de la información que aporta la secuenciación genómica.

Los portales de genómica personalizada no se caracterizan por ser webs simples, por el contrario poseen una gran cantidad de información y complejos algoritmos para poder extraer de los análisis genéticos las posibles expresiones fenotípicas.

### 3.2 Servicios genómicos

Gracias al desarrollo de las tecnologías basadas en la decodificación del ADN y los avances en los chips de secuenciación genética cada vez es más común la presencia de servicios de bioinformática en Internet con una finalidad diagnóstica. Estos servicios tratan de conectar el propio genoma del paciente con Internet, ofreciendo servicios inexistentes varios años atrás.

Se caracterizan por que son servicios que se ofrecen directamente al consumidor, sin pasar por el marco clínico, incluso no es imprescindible que esté involucrado un profesional de la salud. Por otra parte se centran principalmente en los genes y las enfermedades relacionadas con estos. Los análisis genómicos examinan e informan a los

---

4. [decodeme.com](http://decodeme.com)

usuarios sobre una gran cantidad de información relacionada con sus genes que no puede ser obtenida de otra forma.

Los servicios genómicos han sido introducidos de manera gradual en la sociedad debido al alto coste que supone la secuenciación del genoma. En la gráfica que se muestra en la **Figura 5** se puede observar la evolución de ha sufrido el coste de secuenciación del genoma de un humano [11].

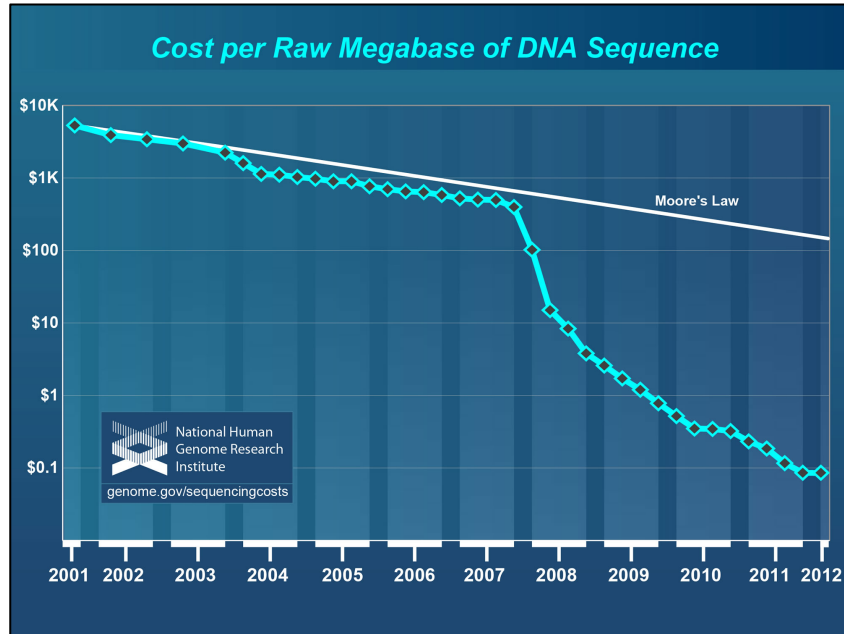


Figura 5 Evolución del coste de secuenciación del genoma humano 5

Como puede observarse, los avances en esta rama de la genómica han ayudado a abaratar los costes radicalmente. La secuenciación podía llegar a costar unos 200.000\$, servicio que muy poca gente podía pagar. Los chips han evolucionado hasta el punto de poder realizar un análisis a un grupo de SNPs (alrededor de 1 millón) suficiente para obtener toda la información necesaria para realizar diagnósticos a los clientes. Esto hizo disminuir a gran escala los costes y poder ponerlo en manos de más usuarios. Hoy en día es posible encontrarlo a precios más asequibles yendo de \$100 en el caso de 23andme, a los \$1100 en el caso de deCODEme.

A través de estos servicios los portales de genómica personalizada ofrecen a sus usuarios la siguiente información:

- Análisis de los SNPs a partir de muestras de células de los pacientes.
- Valoración del riesgo genético a contraer una determinada enfermedad.
- Consejos sobre los resultados obtenidos.
- Cursos de formación y educación sobre genética.
- Información sobre los ancestros.

5. ADN Humano = 25000genes = 3.000 Mega bases de pares.

El proceso representado en la Figura 6 para solicitar el estudio del ADN empieza cuando un usuario compra un servicio de análisis del genoma a través del portal web. Es entonces cuando se le envía al domicilio del usuario un pack para poder recoger la muestra del ADN. Dependiendo de la compañía el procedimiento de recolección puede ser distinto.

Una vez recogida, esta muestra es enviada a los laboratorios donde los expertos en secuenciación del genoma realizarán el análisis de la muestra. Este análisis se suele realizar a través de chips [1] de secuenciación (Láminas de vidrio que contienen una muestra de ADN).



Figura 6 Proceso de contratación de una secuenciación genómica personalizada

Los técnicos de laboratorio separan la muestra en trozos y la colocan en el chip. Cuando un fragmento se adhiere a su complementario, el lugar del chip donde se encuentra se ilumina indicando que contienen el SNP correspondiente. De esta manera se localizan todos los SNP que contiene la muestra.

Dependiendo de los SNP detectados es posible obtener las enfermedades relacionadas y por tanto las posibilidades de contraerlas. Con toda esta información recogida se crea un informe para el usuario donde se le explican las enfermedades y riesgos. Esta información puede variar en gran medida entre compañías.



### 3.3 Usuario objetivo

Los portales de genómica personal están orientados a un público, el cual, se caracteriza por ser personas interesadas en la salud (tanto si son profesionales de la medicina o como si no).

Los usuarios que buscan contratar algún tipo de servicio de secuenciación personalizada son personas suelen ser individuos que se caracterizan por:

- Tienen una gran curiosidad de conocerse más profundamente a sí mismo y descubrir la información oculta en su ADN
- Buscan maneras de mejorar sus hábitos de vida y su salud en general
- Interés por conocer el riesgo de contraer una enfermedad en específico motivados por el entorno o porque han surgido casos en alguno de sus ancestros.

Por otra parte están los profesionales de la salud (médicos, técnicos de laboratorio...) Ha este tipo de usuario solo se dirigen alguno de los portales<sup>6</sup>. Estos usuarios tienen un objetivo distinto a los primeros. Lo que buscan es cómo poder realizar un seguimiento más a fondo de sus pacientes y, por lo tanto, poder realizar mejores diagnósticos gracias a la información obtenida de la secuenciación.

### 3.4 Características

Las webs de genómica personal no son una tarea sencilla de realizar. Son varios los problemas a los que tiene que enfrentarse, empezando por grandes cantidades de información, algoritmos complejos, carencia de estándares e incluso enfrentarse a temas morales y de privacidad de datos. Todos estos requisitos causan que la realización de un portal de estas características no sea una trabajo fácil. A continuación se han recopilado una serie de características que cumplen en mayor o menor medida un porta de genómica personalizada:

#### 1. Contenidos relacionados con la genética:

Al tratarse de portales orientados a servicios genómicos resulta evidente que dispongan de información sobre genética, desde qué es el ADN hasta cómo se desempeña la secuenciación del genoma. En el caso de los portales que ofrecen servicios de secuenciación personalizada, también resulta necesario una explicación sobre cómo se recolectan las muestras de ADN e información acerca de los fenotipos que se pueden detectar tras un análisis.

---

6. Un ejemplo claro lo podemos encontrar en [decodeHealth](#)

## **2. Gestión de grandes cantidades de datos:**

Al tratarse del genoma humano, es imprescindible contar con una buena infraestructura de datos. Esto es debido a que la cantidad de datos es muy elevada (el tamaño de la información del genoma de un solo individuo puede llegar a ocupar mas de 3Gb) [12] Para hacernos una idea, el sistema debe de dar el soporte necesario para almacenar los análisis del genoma de todos sus usuarios. En el caso de que el portal llegara a tener unos mil usuarios, si contamos con que el genoma humano tiene aproximadamente 3000 millones de pares de bases de ADN y que es necesario almacenar debidamente los resultados del análisis, nos enfrentamos a una infraestructura que debe de ser capaz de almacenar unos 3 billones de datos. Esto implica una base de datos robusta y estable que de soporte a grandes cantidades de información.

## **3. Sistema de Información flexible ante cambios**

Es necesario almacenar los datos personales de los usuarios, documentos y toda la información relativa a cada uno de los SNP para poder justificar la posible relación con el fenotipo. Como la genética personal es un campo relativamente reciente, todavía se encuentra en un proceso continuo de investigación. Este hecho origina nuevos descubrimientos que modifican los resultados de los análisis genéticos. Es por ello que resulta importante disponer de un buen sistema de información que de robustez a los datos almacenados y se puedan actualizar con facilidad.

## **4. Privacidad de datos:**

Cuando una web ofrece servicios a sus clientes, estos deben de proporcionar información personal como el nombre, domicilio, DNI, etc. En el caso de los portales de genómica con servicio de análisis personalizado almacenan también la secuencia del ADN y los resultados obtenidos tras la secuenciación. Es importante disponer de una política de privacidad y un buen sistema de seguridad de datos personales para asegurar la confidencialidad y evitar que puedan ser interceptados por terceras personas.

## **5. Generación de reportes enfocados al usuario final:**

Aunque los usuarios estén interesados en contratar servicios en los portales de genómica no se les caracteriza por tener grandes conocimientos de esta rama. Si no tenemos en cuenta a los profesionales de la salud, el perfil de los usuarios suele ser personas preocupadas por su salud, pero no por ello tienen avanzados conocimientos sobre genética. Por ese motivo es necesario que la página esté expresada en un lenguaje que pueda ser entendido por todos los usuarios, expertos y no expertos en el tema, y los resultados de los análisis mostrados de una forma clara y evitando entrar en tecnicismos.

## **6. Soporte de comercio electrónico:**

Los portales de genómica personalizada se caracterizan también por poseer un comercio online. De este modo los usuarios pueden contratar o suscribirse a los servicios de secuenciación de su ADN. Este comercio debe de describir tanto los servicios como el proceso de obtención de la muestra de ADN del individuo. También deben de incorporar

una plataforma que de soporte a la compra de la secuenciación del análisis con diferentes tipos de pago.

#### **7. Búsquedas personalizables:**

Debido a la gran cantidad de información que dispone una web de este tipo es necesario que dispongan de un buen buscador de contenido para que el usuario encuentre la información de la manera más simple posible.

#### **8. Notificaciones automáticas:**

Al ser la genómica personal un campo reciente, muchos laboratorios siguen investigando con el fin de realizar nuevos descubrimientos. Cada uno de los hallazgos puede influir de manera directa en los resultados ofrecidos a los pacientes. Es por ello que resulta necesario disponer de un buen sistema de notificaciones por si alguno de sus resultados ha sido modificado. Por otro lado, debido al continuo cambio en la información almacenada resulta imprescindible una eficiente gestión de contenidos, donde resulte una tarea simple la actualización de la información tanto de los análisis de los usuarios y como de los SNPs.

#### **9. Foros de comunicación científica:**

Otra característica que suelen coincidir los portales de genómica es disponer de un foro en el que los usuarios puedan discutir los resultados de sus análisis, u otras posibles dudas, con el resto de la comunidad de usuarios. De esta manera se crea un vinculo entre la comunidad, permitiendo poder expresar sus ideas o comentarios con respecto a temas abiertos por otros usuarios.

#### **10. Noticias sobre genética:**

El campo de la genómica personal es una rama de la genética de continuos avances y descubrimientos. Es por ello que, los portales de genómica personal deben de contar con una sección donde puedan exponer nuevas publicaciones, avances y nuevos descubrimientos sobre la genética.

#### **11. Tutoriales y formación:**

Los tutoriales juegan una función significativa. La información que se puede obtener al realizar los análisis del ADN puede llegar a ser muy extensa y complicada. Por otra parte el perfil de los usuarios no se caracteriza por ser expertos en la materia. Por este motivo es necesario el uso de tutoriales que expliquen cómo está distribuida la información y breves explicaciones de los contenidos más técnicos que puedan llegar a ser difícilmente entendibles por personas con escasos conocimientos del tema.

#### **12. Seguridad mediante SSL:**

Los portales de genómica deben de tener en cuenta que trabajan con una gran cantidad de datos privados de sus usuarios. Por este motivo resulta necesario recurrir a medidas de

seguridad como es el protocolo SSL (Secure Sockets Layer). Este protocolo criptográfico proporciona comunicaciones seguras por internet. Para hacerlo posible, toda la información que envía la codifica con claves de 128-bits o mayores para favorecer una transmisión segura de la información privada. Estos métodos de seguridad son necesarios puesto que las pruebas de ADN son estrictamente confidenciales y es necesario incrementar la protección de la información que pasa desde el cliente al servidor web. Este protocolo es una manera segura de transmitir información personal, codificando toda la información personal del usuario, como resultados o número de tarjeta de crédito.

## Capítulo 4

# Análisis de un portal de genómica personalizada mediante el método OOWS 2.0

Con el fin de analizar el método OOWS 2.0 se eligió uno de los portales de genómica personalizada más importantes hoy en día: deCODEme. Para llevar a cabo el análisis se efectuó un proceso de ingeniería inversa aplicando directamente este método al portal. El propósito era por una parte, verificar la correcta funcionalidad del método OOWS 2.0 y por otra parte, encontrar deficiencias y proponer mejoras que optimizaran su aplicación.

Para ello intentamos emular un entorno de desarrollo real, en el que las personas que estaban involucradas en el análisis no tuvieran conocimientos previos del modelo aunque sí dispusieran de conocimientos de programación y desarrollo web.

### 4.1 Introducción a deCODEme

DeCODE Genetics<sup>7</sup> es una compañía biofarmacéutica con sede en Reikiavik, Islandia. Esta compañía fue fundada en 1996 con el propósito de identificar cómo los genes se relacionan con las enfermedades y aplicar el fruto de esta investigación al desarrollo de nuevos medicamentos. Para mostrar a los usuarios los servicios y productos que ofrecen han creado cuatro portales distintos, cada uno de ellos con una función diferente:

- **deCODE Genetics**: portal corporativo.
- **deCODE You**<sup>8</sup>: blog.
- **deCODE Health**<sup>9</sup>: orientada a los profesionales de la salud.
- **deCODEme**<sup>10</sup>: ofrece servicios de genómica personalizada accesible por cualquier usuario.

---

7. [www.decode.com](http://www.decode.com)

8. [www.decodeyou.com](http://www.decodeyou.com)

9. [www.decodehealth.com](http://www.decodehealth.com)

10. [www.decodeme.com](http://www.decodeme.com)

Para realizar el análisis de OOWS 2.0 nos hemos centrado en deCODEme. El motivo por el que hemos elegido este portal de entre los 4 que ofrece es porque es el más similar al portal que queríamos desarrollar.

#### 4.1.1 Servicios

Los servicios incluidos en deCODEme fueron lanzados en noviembre del 2007. Este portal ofrece a los usuarios la oportunidad de analizar su ADN sin necesidad de pasar por un centro médico. Estos análisis proporcionan información acerca del riesgo de padecer un fenotipo determinado. También incluye detalles sobre cómo reducir el riesgo a padecerlo e incluso ofrece información sobre sus ancestros. Los análisis ofrecidos tienen un precio de 1.100\$, en el se analizan acerca de 1.073.000 SNPs [17] (polimorfismos de nucleótido simple) gracias al chip Human1M [18] creado por Illumina.

El servicio sigue el mismo proceso mostrado en la **Figura 6**. Un usuario contrata los servicios a través de su página web. Una vez registrado y pagado el análisis la empresa envía a casa del usuario un kit recolector de muestras. En este kit se incluye accesorios necesarios para recolectar las muestras de ADN y envases para conservarlos en perfecto estado hasta que lleguen de vuelta al laboratorio. Una vez allí, esta muestra será analizada a través de un chip con el fin de detectar diferencias en los SNPs. Cuando se dispone de toda la información, la vuelcan al sistema para que sea accesible por el usuario.

Todos los usuarios que hayan contratado un servicio tienen accesible un espacio privado donde puede consultar toda la información relativa al análisis. Entre la información asociada a los riesgos de enfermedades se incluyen consejos para poder tomar mejores decisiones a la hora de prevenir estas enfermedades, información sobre sus ancestros y su propia codificación del ADN.

El servicio de deCODEme incluye información de 47 enfermedades<sup>11</sup> comunes como infarto de miocardio, fibrilación arterial y un conjunto de los cánceres más comunes.

#### 4.1.2 Organización del portal

La misión del portal es tratar de mostrar al usuario los beneficios que conlleva la realización de un análisis genómico y las ventajas de averiguar cuáles son los riesgos y probabilidades de contraer un determinado fenotipo. Apoyan este hecho respaldándose en la importancia de detectar una enfermedad a tiempo para poder prevenirla de manera eficiente.

---

11. [www.decode.com/conditions-covered](http://www.decode.com/conditions-covered)



Figura 7 Página Home de deCODEme

La parte pública de este portal de genómica personalizada está dividido en seis secciones, cada una de ellas con un propósito y temática bien diferenciado.

- **How deCODEme Works:** pretende mostrar el proceso de recogida de muestras de células Kit recolector de muestras, que ellos mismos suministran a los clientes que han solicitado el análisis. También muestra experiencias de clientes o médicos que han contratado algún servicio en deCODE. De esta manera pretenden dar fuerza a las ventajas de adquirir alguno de sus análisis. Estas historias son accesibles desde muchos lugares de la web a través de una pequeña reseña e imagen de cada historia que tienen almacenadas.
- **Health:** Se centra en enfatizar los beneficios que puede ofrecer un análisis del ADN para la salud del usuario. También informa de los productos que ofertan, los cuales son 3 tipos de análisis de ADN (*Cardio Scan*, *Cancer Scan* y *Complete Scan*).

*Complete Scan* es el único disponible en estos momentos, el cual abarca principalmente las enfermedades que se encuentran dentro de los otros dos análisis, *Cardio Scan* y *Cancer Scan* incluso añade enfermedades que no se encuentran en ellas

A continuación se muestra la lista total de enfermedades que deCODEme analiza en los servicios que ofrece a sus clientes:

- Cánceres: baso celular, cerebral, leucemia, de ovario, de páncreas, testicular.
- Sangre: hemocrosis, lupus, tromboembolismo venoso.
- Articulaciones: gota, artritis.
- Sistema nervioso cerebral: alzhéimer, temblor esencial, esclerosis múltiple, dependencia a la nicotina, síndrome de las piernas inquietas.

- Visión: degeneración macular relacionada con la edad, síndrome de exfoliación, color de ojos.
  - Sistema cardiovascular: hipertensión
  - Sistema digestivo: reacción al alcohol, percepción del sabor amargo, celiaquía, enfermedad de Crohn, cálculos biliares, intolerancia a la lactosa, obesidad, diabetes tipo 1 y 2, colitis.
  - Sistema urinario: insuficiencia renal, cálculos renales.
  - Sistema respiratorio: asma, enfermedad pulmonar obstructiva crónica.
  - Piel: calvicie, psoriasis.
- **Genetics Explained:** Ofrece una guía sobre que es la información genética, las variaciones, cómo se determina el sexo y de qué trata la recombinación genética. Esta sección está plenamente orientada a los usuarios que tienen un completo desconocimiento genético.
  - **Try Demo:** Para que un usuario pueda ver cómo será representada la información de su análisis han creado un espacio de simulación de cómo se vería la intranet con esta información. De es posible hacerse una idea de las funcionalidades que nos ofrecerá el portal sin la necesidad de contratar el servicio previamente.
  - **Store:** Espacio destinado a dar soporte a la tienda para la contratación de un análisis personalizado.
  - **Login:** Permite iniciar sesión en la cuenta privada del usuario a través de sus credenciales o redes sociales.

## 4.2 Modelado de deCODEme utilizando OOWS 2.0.

OOWS 2.0 , como ya se ha introducido anteriormente, es un método DSDM. Para poder probar la eficacia del método y con el fin de detectar posibles carencias, se optó por modelar el portal deCODEme utilizando ingeniería inversa [13].

La ingeniería inversa es un proceso que trata de analizar un sistema identificando sus componentes y las relaciones entre ellos y recreando una representación del sistema en un nivel más avanzado de abstracción.

Con la ingeniería inversa aplicada a deCODEme no tratamos de cambiar el sistema o modificarlo, por el contrario el objetivo es analizar cómo responde OOWS 2.0 frente a las webs actuales con el fin de encontrar carencias o posibles mejoras en el método.



### 4.2.1 Mapa de Interacción

El mapa con los contextos de interacción para un usuario anónimo es el mostrado en la **Figura 8**.

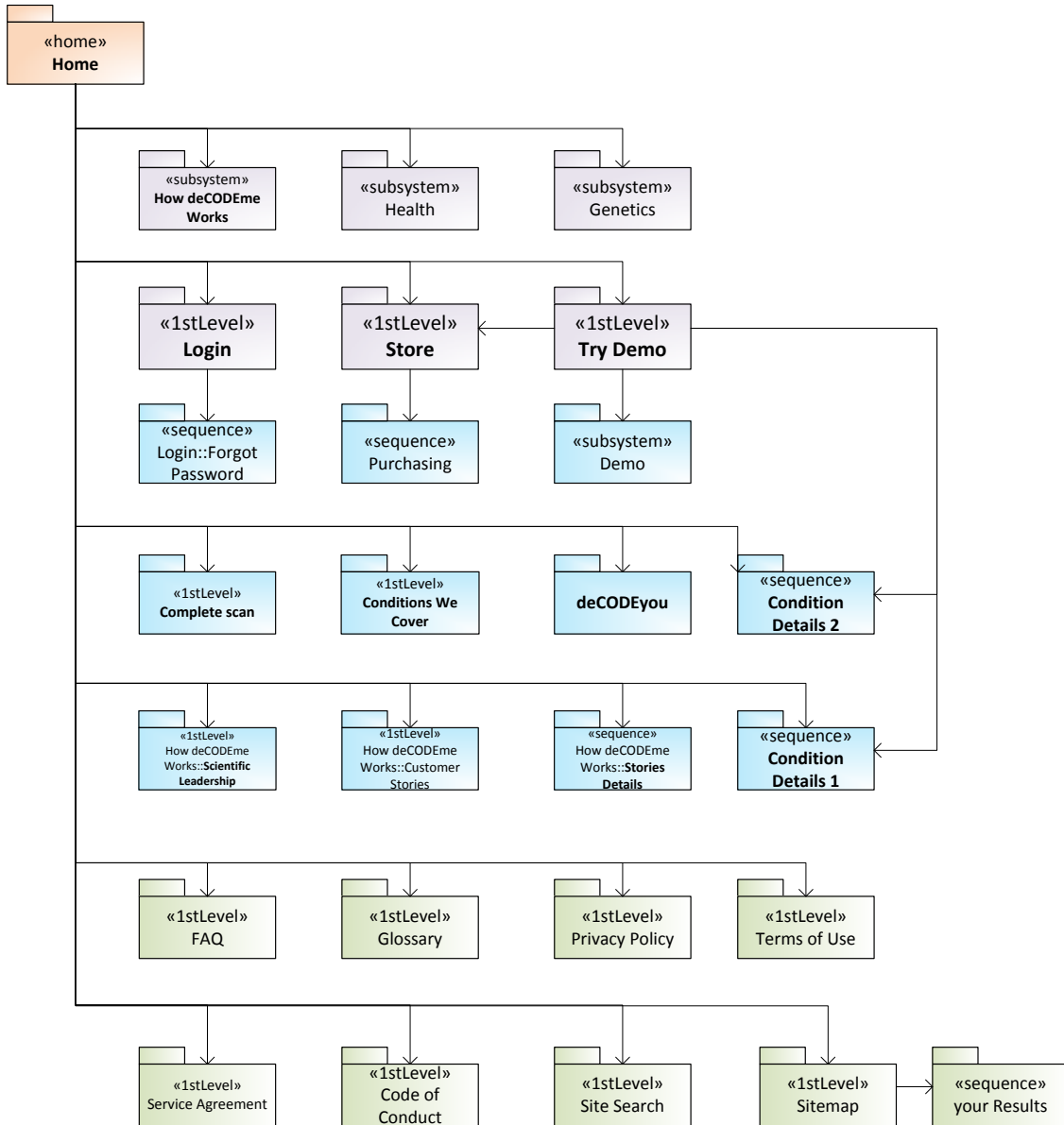


Figura 8 Mapa de Interacción de deCODEme

El contexto inicial desde el cual es posible navegar al resto de contextos corresponde con el representado con la etiqueta <<home>> el cual simboliza la página de inicio del portal. Esta página actúa como puerta de entrada al resto de contenidos de la web, de ahí a que proporciona acceso a un elevado número de contextos en comparación con el resto. Los seis contextos situados en las dos primeras filas del mapa corresponden con las secciones explicadas en el apartado 4.1.2 (menú principal del portal).

Las últimas dos filas son todos los contextos que compone el pie de página. Contextos como el *Mapa del Sitio*, *Términos de Uso* o *Política de Privacidad* es habitual encontrarlos en cualquier página que ofrezca algún tipo de servicio. El resto de contextos son una combinación entre contextos pertenecientes a otros sistemas o contextos de primer nivel que se incluyen en alguno de los subsistemas ya representados en las dos primeras filas.

A simple vista es posible observar que los contextos Store (tienda online) y Condition Details (información detallada sobre un fenotipo) tienen más peso que el resto portales debido a que disponen de un mayor número de navegaciones que los alcanzan. La tendencia del portal es conducir al usuario hacia estas localizaciones con el propósito de estimular la contratación de alguno de sus servicios.

En este mapa no están representados los contextos que se encuentran dentro de los subsistemas ni los de la página de deCODEyou. Por especificación del método OOWS 2.0, realizado por F. Valverde, estos contextos no son necesarios plasmarlos en el mapa de interacción actual.

#### 4.2.2 Usuarios

DeCODEme se compone principalmente de tres perfiles de usuarios distintos, como se puede observar en la **Figura 9**.

- **Anonymous:** es el usuario que no requiere de autenticación para navegar por el portal
- **Individual:** usuario con credenciales para acceder a la parte personalizada de deCODEme. Para ello es necesario que haya adquirido previamente un análisis.
- **Professional:** usuario con credenciales para acceder a la parte personalizada de deCODE Health. Para ello es necesario que proporcione alguna credencial que justifique que es un profesional de la salud.

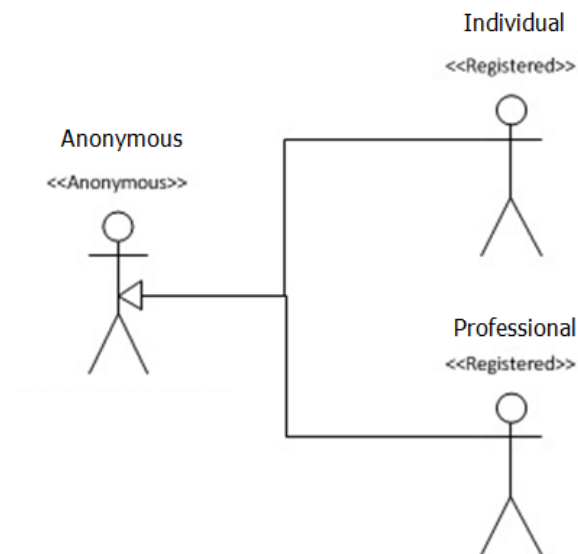


Figura 9 Mapa de usuarios de deCODEme

En este caso se analizó el usuario *Anonymous* y gracias a la parte demo disponible en la web, se pudo emular el usuario registrado *Individual*. Por el contrario, no fue posible analizar el usuario *Professional*. El motivo fue que no ofrecen acceso a una cuenta de prueba para este tipo de usuarios.

### 4.2.3 Escenarios seleccionados

Tras modelar el portal con el OOWS 2.0, se han seleccionado un conjunto de escenarios del portal deCODEme. Cada uno de ellos representa una funcionalidad distinta que dispone el portal. Con esto se pretende mostrar, de manera general, ejemplos de una aplicación práctica del método en un entorno real y explicar hasta que punto OOWS 2.0 es capaz de modelar el portal utilizando ingeniería inversa. En el anexo se pueden encontrar la explicación del resto de CI presentes en deCODEme.

#### 4.2.3.1 Escenario Login.

**URL:** <https://www.decode.me/login>

#### DESCRIPCIÓN DEL ESCENARIO

El inicio de sesión en una página web tiene la misión de aplicar un grado de seguridad informática en la información privada de un usuario registrado. De esta manera los usuarios anónimos no son capaces de ver información confidencial o personal de un individuo.

En deCODEme se usa un método de identificación similar al de otras muchas webs: el sistema controla el acceso del usuario mediante la identificación, utilizando el nombre y contraseña elegidos previamente.

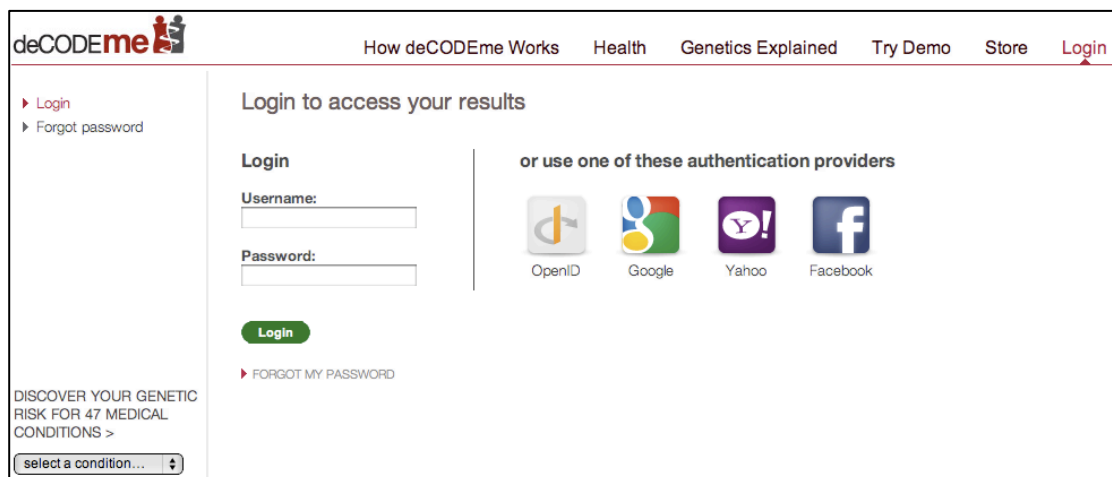


Figura 10 Página de Inicio de sesión de deCODEme

**MAPA DE INTERACCIÓN**

Como se puede observar en la **Figura 11** este contexto se representa en el mapa de interacción principal de deCODEme. Para simplificarlo, solo hemos incluido los contextos de primer nivel y subsistemas.

Login es uno de los contextos de primer nivel que se encuentra accesible desde el menú principal de la página web. Esto significa que se puede acceder a él desde cualquier lugar del portal en el que se encuentre el usuario.

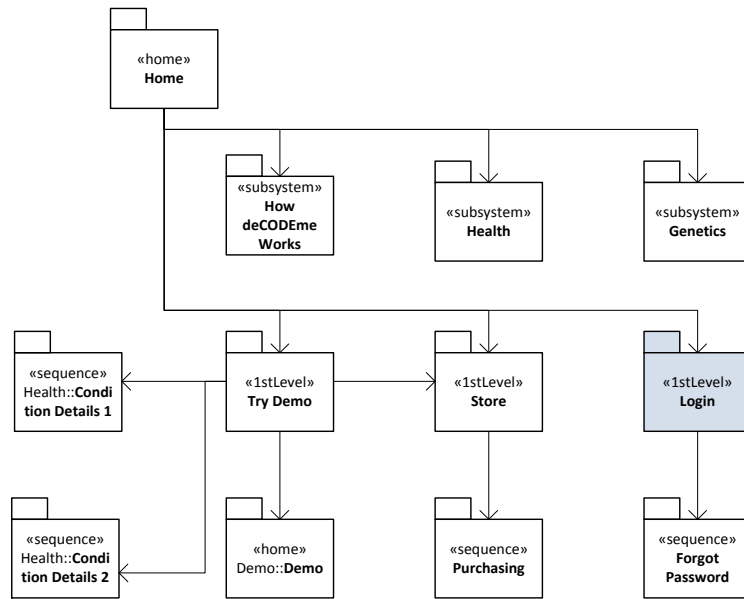


Figura 11 Mapa de Interacción perteneciente al escenario Login

<b>Nombre</b>	<b>Login</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	<p>Desde aquí el usuario puede iniciar sesión en el caso de que ya posea el nombre de usuario y contraseña. Para poder acceder es requisito imprescindible adquirir uno de los análisis y durante el proceso de compra establecer el nombre y contraseña que darán acceso. También ofrece la posibilidad de iniciar sesión con la cuenta de FaceBook.</p>
<b>URL</b>	<i>https://www.decodeme.com/login</i>
<b>Contextos Alcanzables</b>	
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>
Forgot Password	Forgot my password Forgot password

Tabla 3 Detalles del contexto Login

En el mapa puede observarse que desde esta página es posible acceder al contexto “Forgot Password” donde ofrece un método para la recuperación de la contraseña en caso de olvido.

**CONTEXTO DE INTERACCIÓN**

Para representar la funcionalidad del contexto se ha utilizado plantilla de la **Tabla 4** que corresponde con una *Service AIU*.

<b>Service AIU</b>		<b>Login</b>		
<b>Service</b>		User.login		
<b>Input arguments</b>				
<b>Id</b>	<b>Alias</b>	<b>Type</b>	<b>Default</b>	<b>Constant</b>
username	Username	String		False
password	Password	Password		False
<b>Output Arguments</b>				
<b>Id</b>	<b>Alias</b>	<b>Type</b>	<b>Visibility</b>	
id_error	Error	Int	False	
<b>Errors</b>		<b>Condition</b>	<b>Message</b>	
		If id_error == 1	"Sorry your login was not successful"	
		If id_error == 2	"Your account is not valid for this site. Please visit www.decodehealth.com instead"	

Tabla 4 SAUI del contexto Login

**RESULTADOS DEL MODELADO DE OOWS 2.0 AL ESCENARIO**

El modelado del formulario mediante OOWS 2.0 no ha tenido grandes dificultades. OOWS 2.0 soporta adecuadamente la validación de la información del usuario y los posibles errores que puedan manifestarse por introducir datos erróneos.

**4.2.3.2 Escenario Your Results**

**URL:** [http://demo.decode.com/health-watch/risk\\_summary/ALZ](http://demo.decode.com/health-watch/risk_summary/ALZ)

**DESCRIPCIÓN DEL ESCENARIO**

Esta página tienen la finalidad de mostrar los resultados sobre una determinada enfermedad, obtenidos a través de la muestra enviada por el usuario. Los datos recogidos son comparados con la media de riesgo de la población. De esta forma, a través de gráficas, informan al usuario de:

- Riesgo genético obtenido en el análisis.
- Porcentaje de riesgo de desarrollar la enfermedad a lo largo de su vida, obtenido a través del resultado del análisis junto con su grupo étnico y género.
- Porcentaje de diferencia entre la media de la población con el mismo grupo étnico y género.

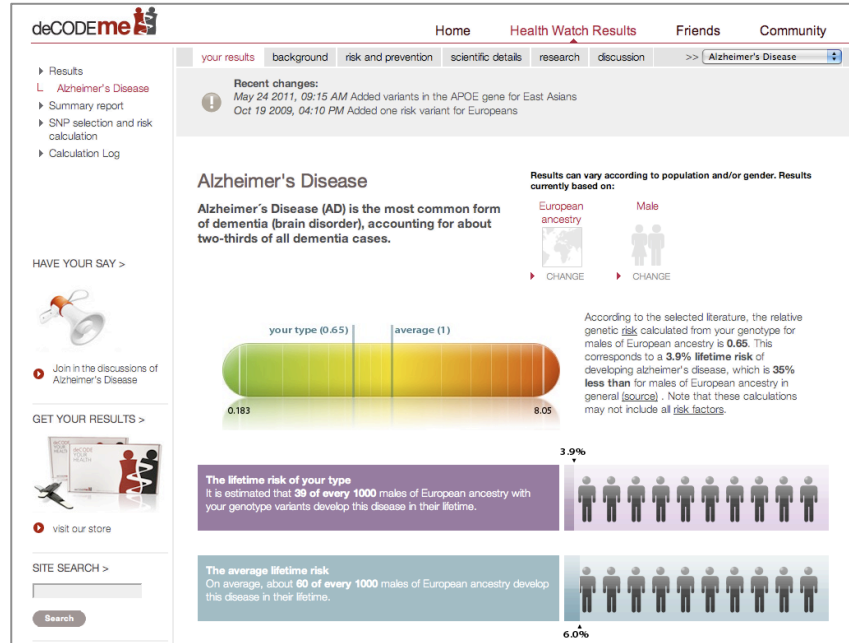


Figura 12 Página correspondiente al contexto Health Watch Result

Por otra parte, se muestran otros resultados sobre la población en general a modo informativo como son:

- Valores máximo, mínimo y la media de los resultados de las personas con su mismo grupo étnico.
- Porcentaje de las personas que con su mismo resultado de riesgo desarrollan la enfermedad a lo largo de su vida.

### MAPA DE INTERACCIÓN

El mapa de interacción que aparece a continuación muestra cómo está organizada la sección *Results* donde está incluido este contexto. Para acceder a él es necesario seleccionar una de las enfermedades listadas en la página *Results* lo que llevará a una explicación mucho más detallada de los resultados derivados del análisis para esa enfermedad específica.

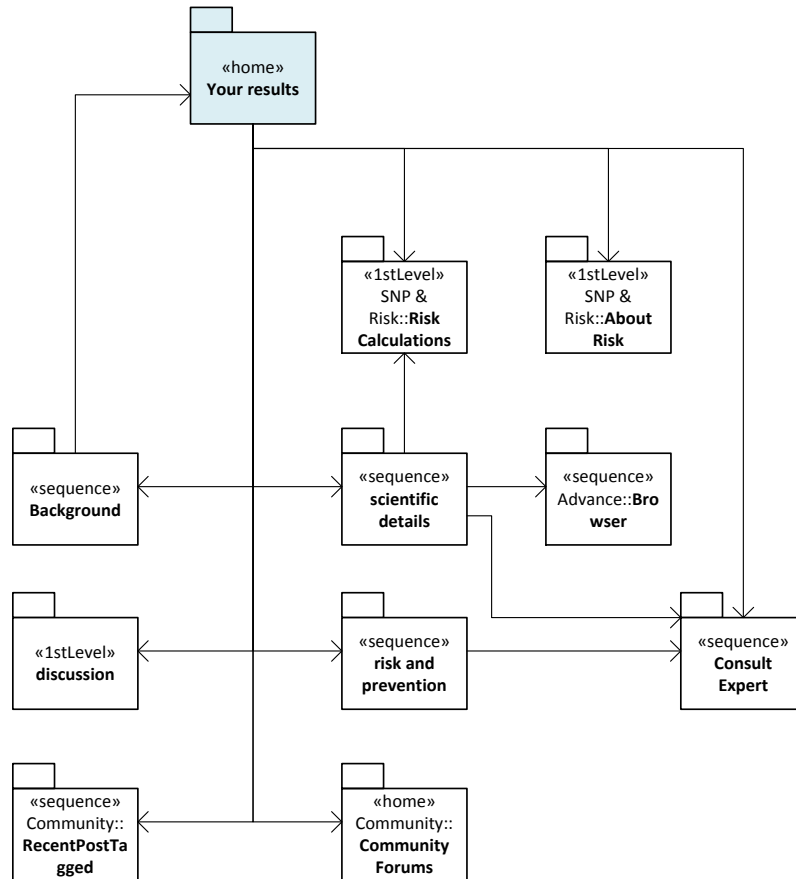


Figura 13 Mapa de interacción correspondiente al contexto Health Watch Results

<b>Nombre</b>	<b>Your Results</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input checked="" type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	<p>Muestra la misma información que se mostraba en <i>Results</i>, pero esta vez para una enfermedad en concreto. Sigue el mismo esquema de barras y termómetro para representan los datos de manera más atractiva.</p> <p>También incluye la posibilidad de consultar estos resultados con un experto, <i>Consult Expert</i>, pero la página no es accesible desde la demo y pide registro.</p>
<b>URL</b>	<i>demo.decode.me.com/health-watch/risk_summary /AAA</i>
<b>Alcance desde</b>	Home::Overview Calculation log Summary Report Results
<b>Contextos Alcanceables</b>	
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>
Risk and Prevention	Risk factors
Consult Expert	Ask a question About...
SNP & Risk::Risk Calculations	how deCODEme calculates risks
SNP & Risk::About risk	Risk

Tabla 5 Detalles del contexto Your Results

### CONTEXTO DE INTERACCIÓN

La siguiente Population Abstract Interaction Unit PAUI representa como es recogida y representada la información relativa a la enfermedad explicada anteriormente.

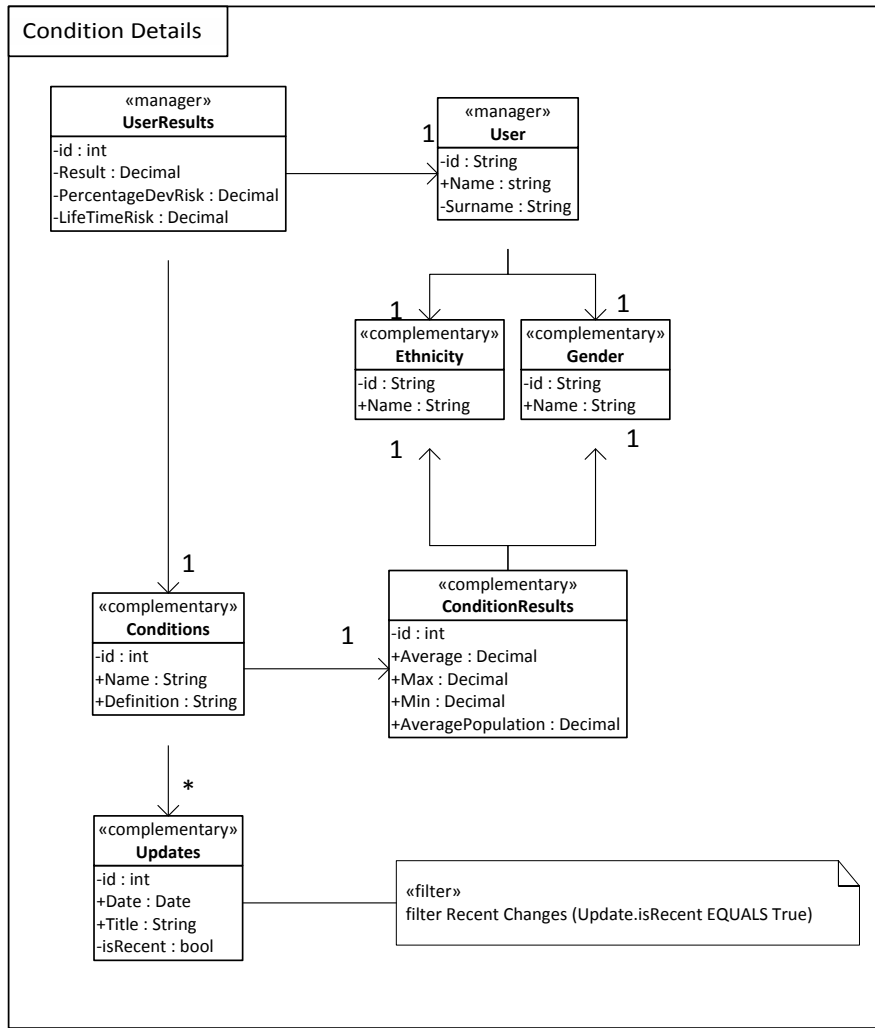


Figura 14 PAUI del contexto Health Watch Result

La clase directora recupera una instancia de User Result. Esta clase instancia el resultado del análisis de una enfermedad específica devolviendo toda la información relativa como el porcentaje de riesgo de desarrollar la enfermedad y el riesgo de que aparezca esa enfermedad a lo largo de la vida. A través de esta instancia se recupera el resto de información como detalles del usuario e información sobre la enfermedad.

Para recuperar las últimas novedades relacionadas con la enfermedad se ha utilizado el patrón de filtro. Este filtro actúa sobre el valor *isRecent* devolviendo todas las instancias en las cuales este atributo tenga el valor *True*.



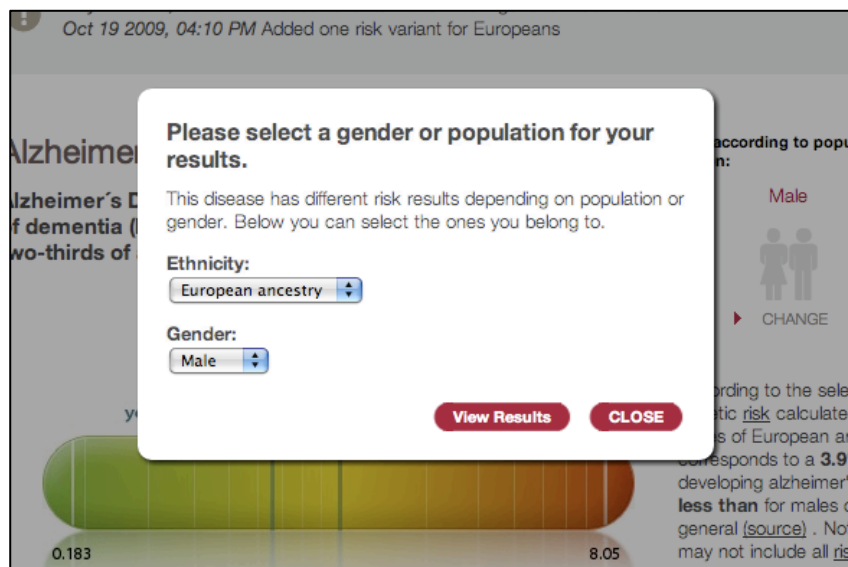


Figura 15 Página correspondiente a Health Watch Results

En este contexto también se encuentra un formulario para modificar el género o grupo étnico al que pertenece como se puede observar en la **fFigura 15**. Al modificar los valores, la información relacionada con los porcentajes de riesgo cambia para adaptarse a las nuevas características del usuario.

Para ello se usa un Service AIU como la mostrada a continuación:

Service AIU		CalculationRisk		
Service		UserRisk.calculationRisk		
Input arguments				
Id	Alias	Type	Default	Constant
ethnicity	Ethnicity	string	{User.ethnicity}	True
gender	Gender	string	{User.ethnicity}	True
Output Arguments				
Id	Alias	Type	Visibility	
lifetimeRisk		float	True	
averageValue		float	True	
minValue		float	True	
maxValue		float	True	
averagePopu lation		float	True	

Tabla 6 SAIU del contexto Your Results

El service AIU se compone de dos patrones de *Selección Enumerada* uno para el género y otro para la etnia, de manera que las opciones de selección quedan acotadas para evitar posibles errores en la introducción de datos.

## RESULTADOS DEL MODELADO DE OOWS 2.0 AL ESCENARIO

Este contexto no se pudo modelar adecuadamente utilizando OOWS 2.0. Uno de los problemas encontrados fue la representación del formulario para cambiar el género o el grupo étnico del usuario. Cuando estas características se modifican existe una serie de cálculos internos que se ejecutan automáticamente para obtener los porcentajes correspondientes de padecer una enfermedad con esos fenotipos. Esto se consiguió solucionar añadiendo a la clase UserResults nuevos atributos con la finalidad de cambiar la ejecución de una operación con la recuperación de datos de una instancia.

Por otra parte, el filtro que obtiene las últimas actualizaciones, ya sean noticias o nuevos descubrimientos, correspondientes a dicha enfermedad, no está del todo soportado. El motivo es que no es posible definir filtros automáticos en OOWS 2.0. Como filtro automático nos referimos a filtros que se ejecutan sin una interacción por medio del usuario.

### 4.2.3.3 Escenario Forum

URL: <http://demo.decodeme.com/forums>

#### DESCRIPCIÓN DEL ESCENARIO

Los foros dan soporte a discusiones u opiniones de la gente sobre un tema en específico. Ofrecen la posibilidad de consultar sobre cualquier tema o exponer al público tus propias opiniones animando a la comunidad a participar en ellas.

En este caso, deCODEme dispone de un foro dividido por temáticas para favorecer su organización y usabilidad. Cuando todos los mensajes relativos a un tema son instanciados, es posible seleccionar uno de ellos y recuperar los detalles de este mensaje junto con las posibles respuestas de los usuarios si las hubiera.

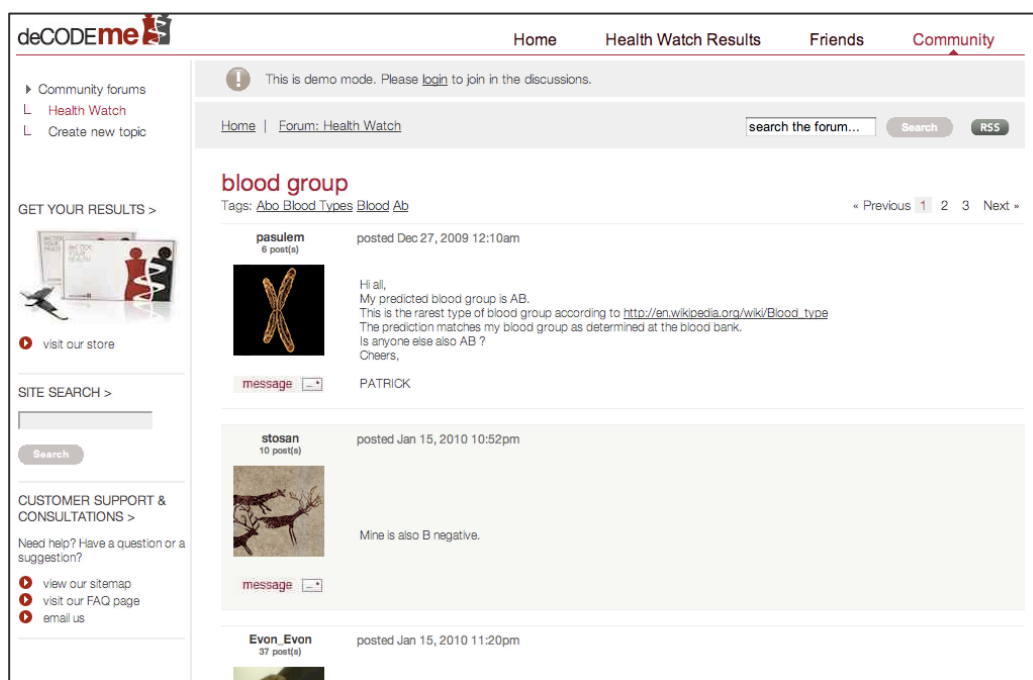


Figura 16 Página correspondiente al contexto Forum

**MAPA DE INTERACCIÓN**

Este contexto se encuentra dentro de la sección Community. En el siguiente mapa de interacción se puede observar que para entrar en el contexto *TopicDetails* es necesario realizar una navegación a través de diferentes contextos. El mapa también nos ofrece información de las páginas con más importancia dentro de su subsistema. Este contexto es uno de ellos debido al elevado número de navegaciones que se dirigen hacia él.

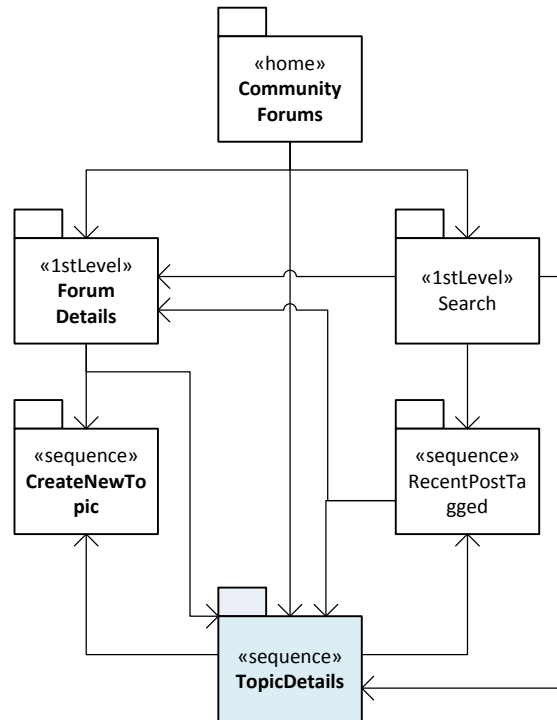


Figura 17 Mapa de Interacción perteneciente al contexto Forum

<b>Nombre</b>	<b>Topic Details</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Muestra los mensajes del hilo seleccionado con una navegación por páginas, ordenados de la más antigua a la más reciente.
<b>URL</b>	<i>demo.decode.me.com/forums/10000/topics/11068</i>
<b>Alcanzable desde</b>	Community Forums Forum Details Search results Recent Post Tagged
<b>Contextos Alcanzables</b>	
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>
Recent Post Tagged	Create New Topic Blood

Tabla 7 Detalles del contexto Topic Details

### CONTEXTO DE INTERACCIÓN

Para representar toda la funcionalidad que aparece en este contexto han hecho falta la utilización de varios patrones auxiliares. Por una parte nos encontramos con un *Patrón de Paginación* de tipo *Random* que permite moverte por cualquiera de los conjuntos de mensajes en los que se divide el hilo del foro. Por otra parte también usa una *Navegación por Objeto* donde al seleccionar una de las etiquetas podemos ir a un contexto donde nos listará todos los hilos que coincidan con la etiqueta seleccionada.

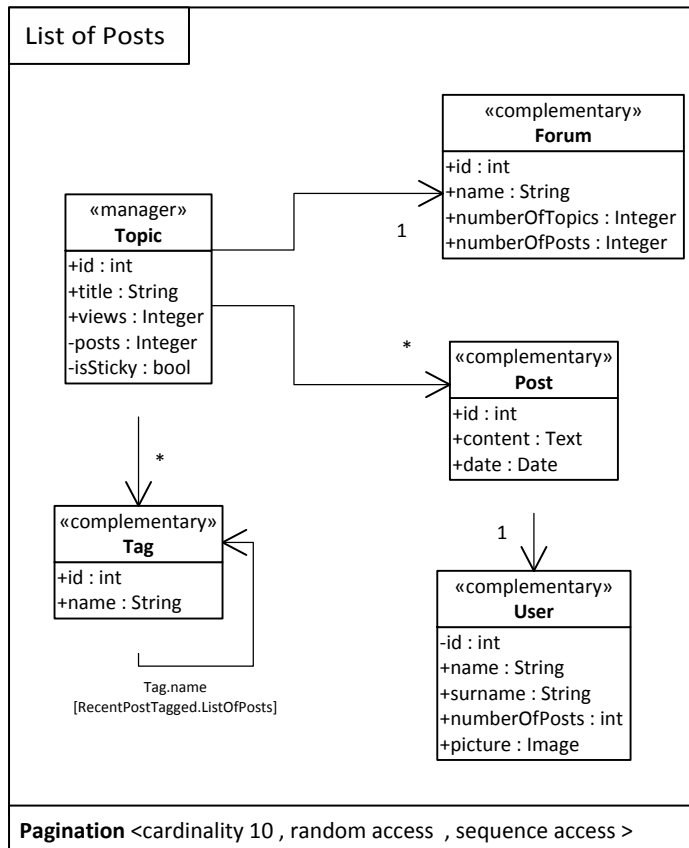


Imagen 19 PAUI de Topic Details

### RESULTADOS DEL MODELADO DE OOWS 2.0 AL ESCENARIO

En este caso OOWS 2.0 se ha adaptado perfectamente a las exigencias del foro en cuanto a sus Unidades de Interacción Abstractas. En cambio, el mapa de interacción se vuelve difuso cuando aparecen muchas relaciones entre un mismo grupo de contextos. Para solucionarlo, una opción es añadir un elemento que de representación a subgrupos de contextos con la finalidad de simplificar el mapa y que sea más entendible para el analista.

#### 4.2.3.4 Escenario Customer Stories

URL: <https://www.decodeme.com/customer-stories>

##### DESCRIPCIÓN DEL ESCENARIO

El objetivo de deCODEme es principalmente ofrecer servicios de secuenciación del ADN a sus usuarios. Una manera de ganarse la confianza de los clientes es mediante relatos sobre las experiencias de otros usuarios que ya han utilizado sus servicios. Con ello pretenden mostrar la calidad de los análisis desde la perspectiva de gente que no esté relacionada directamente con la empresa.

En este contexto se muestran todas las historias de manera resumida para lograr dar una visión general de las frases más importantes que han comentado los clientes.

The screenshot shows the deCODEme website's 'Customer stories' page. The page layout includes a top navigation bar with links: 'How deCODEme Works', 'Health', 'Genetics Explained', 'Try Demo', 'Store', and 'Login'. On the left, there is a sidebar with a menu: 'About deCODEme', 'Customer stories', 'Scientific leadership', 'Editorial team', 'Privacy and security', and 'Video gallery'. Below the menu, there are sections for 'DISCOVER YOUR GENETIC RISK FOR 47 MEDICAL CONDITIONS >' with a dropdown menu, 'CUSTOMER SUPPORT & CONSULTATIONS >' with links to 'view our sitemap', 'visit our FAQ page', and 'email us', 'SITE SEARCH >' with a search box, and 'MAILING LIST >' with a 'subscribe' button. The main content area is titled 'Customer stories' and features a large image of an older man, Chuck Wallace, with his arms crossed next to a motorcycle. To the right of this image is a text box with the heading 'Customer stories' and a paragraph: 'Our customers have some great stories to share about their experiences with deCODEme. In some cases, they discovered a risk factor they did not know was there. In others, they confirmed their own suspicions that they needed some guidance on the road to better health. In all cases, the deCODEme genetic health scan changed their lives for the better. Read their first-hand accounts or watch their video interviews.' Below this are three smaller story cards. The first card is for 'Chuck Wallace, deCODEme customer' with the headline 'How deCODEme helped a heart patient fight prostate cancer' and a quote: 'A ruggedly fit man, Mr. Charles Wallace discovered his prostate cancer unintentionally. Initially, he walked into Dr. Bale's office to see how genetic testing could help him monitor his heart condition.' Below the quote are links for 'read more' and 'watch video'. The second card is for 'Amy L. Doneen, Nurse Practitioner's Viewpoint' with the headline 'The path to prevention' and a quote: 'The future has arrived. That's good news for Amy Doneen, a nurse practitioner at the Heart Attack and Stroke Prevention Clinic in Spokane, Washington. The tool Doneen has added to her tool belt is deCODEme, a genetic screening test conducted by deCODE genetics.' Below the quote are links for 'read more' and 'watch video'. The third card is for 'Dorrit Mousaieff, deCODEme customer' with the headline 'First Lady of Iceland Boasts "Amazing Genetic Profile"' and a quote: 'Why would one not do it? I can think of no conceivable reason on earth why not to do it. If one can prevent something from happening, obviously one would do it.' Below the quote are links for 'read more' and 'watch video'.

Figura 18 Página perteneciente al contexto Customer Histories

**MAPA DE INTERACCIÓN**

Este contexto de primer nivel se encuentra dentro del subsistema *How deCODEme Works*.

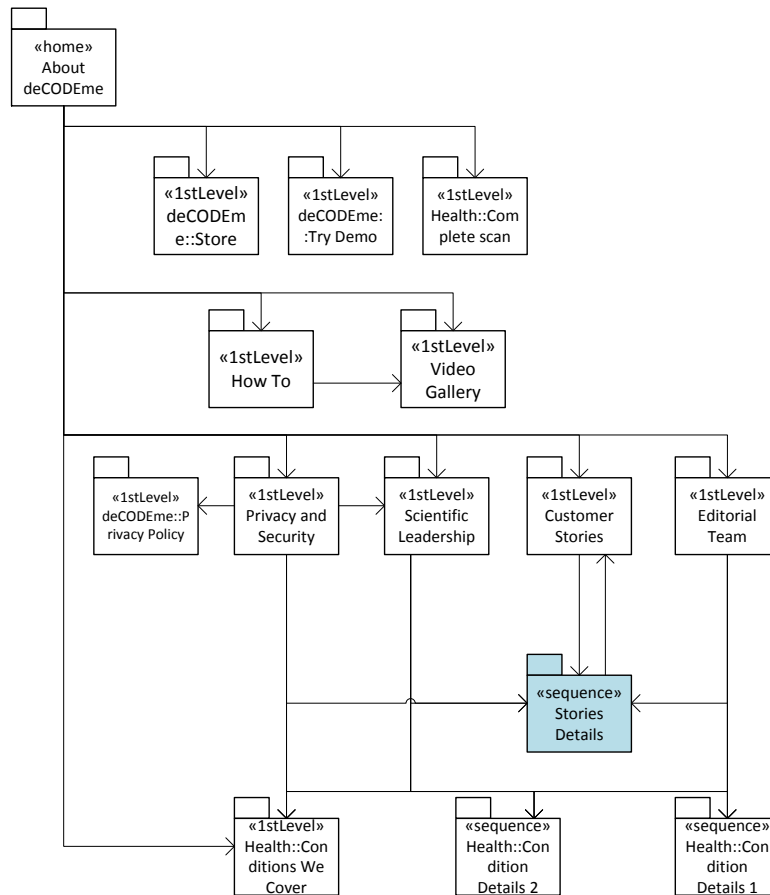


Figura 19 Mapa de Interacción del contexto Customer Histories

<b>Nombre</b>	<b>Customer Stories</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	La finalidad es reunir en un solo contexto las experiencias de usuarios de forma ordenada y resumida. Cada experiencia viene acompañada de una imagen, un breve resumen, el/los usuarios involucrados y el enlace directo al resto de información. De esta manera es posible ver de forma rápida como el análisis genético ha contribuido positivamente en sus vidas.
<b>URL</b>	<a href="http://www.decodeme.com/customer-stories">http://www.decodeme.com/customer-stories</a>
<b>Alcanzable desde</b>	Home Stories detail Genes and health
<b>Contextos Alcanzables</b>	
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>
Customer stories	Read more

Tabla 8 Detalles del Contexto Stories

### CONTEXTO DE INTERACCIÓN

Para representar este contexto es necesario recopilar cada una de las historias de las que se dispone y mostrarla de manera ordenada. Para cada una de ellas se recupera la foto de los clientes, una frase importante de la historia, nombre y descripción del autor y un breve resumen de lo que va a contar. De esta manera los usuarios que visualicen este contexto pueden hacerse una idea global de cómo deCODEme les ayudó en sus vidas.

Cuando una de las historias es seleccionada, se produce una *Navegación por Objeto*. En este contexto destino se recupera más información acerca de la experiencia del usuario con el objetivo de ofrecer una vista completa de esta instancia.

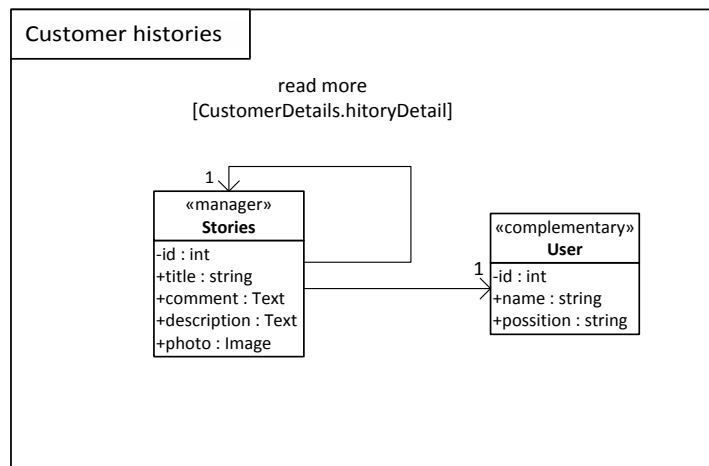


Figura 20 PAIU del contexto Customer Stories

### RESULTADOS DEL MODELADO DE OOWS 2.0 AL ESCENARIO

Este contexto se modelaba muy fácilmente a las exigencias de OOWS 2.0. El motivo es que este contexto se basa en de recuperar todas y cada una de las historias de los clientes sin utilizar ningún tipo de filtro ni cualquier otro patrón más avanzado.

#### 4.2.3.5 Escenario Settings

URL: <http://demo.decode.me.com/settings>

#### DESCRIPCIÓN DEL ESCENARIO

Cuando se ofrecen servicios personalizados dirigidos a un usuario en concreto y se quiere disponer de cierta privacidad, resulta necesario el uso de espacios restringidos, o intranets, donde el usuario es el único capaz de acceder a la información privada. Normalmente estos tipos de espacios están asegurados mediante un nombre de usuario y contraseña.

En algunos casos es necesario guardar información relativa, como puede ser su dirección actual, genero, correo electrónico, etc. Esta información debe de estar accesible y con la posibilidad de modificarla por el usuario. Por consiguiente, deben de ofrecer un contexto en el cual puedan gestionar sus propios datos personales.

La página *Settings* de deCODEme se encarga de dar funcionalidad a lo mencionado anteriormente a través de un formulario. De esta manera es posible modificar alguno de

los datos del usuario, incluso configurar en qué nivel los datos introducidos serán mostrados al resto de la comunidad de usuarios. Existen tres nivel de prioridad: *Public* (la información será mostrada a todos los usuarios de la comunidad) *Friends* (solo podrán acceder a la información los usuarios considerados Friends) y *Private* (ningún usuario puede acceder a esta información)

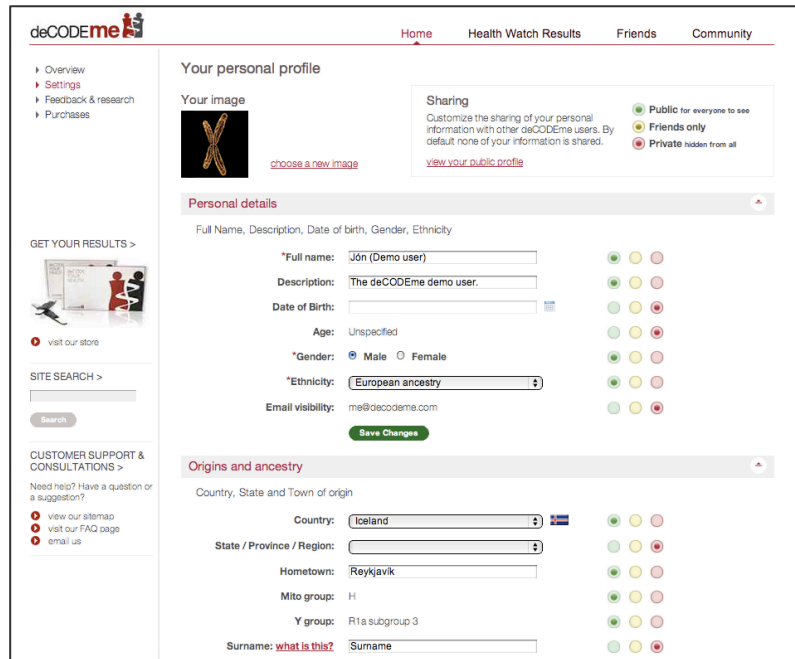


Figura 21 Página perteneciente al contexto Profile

Por otra parte esta página ofrece una vista preliminar de la información introducida por el usuario al seleccionar el enlace *View your public profile* tal y como se muestra en la imagen **Figura 22**.

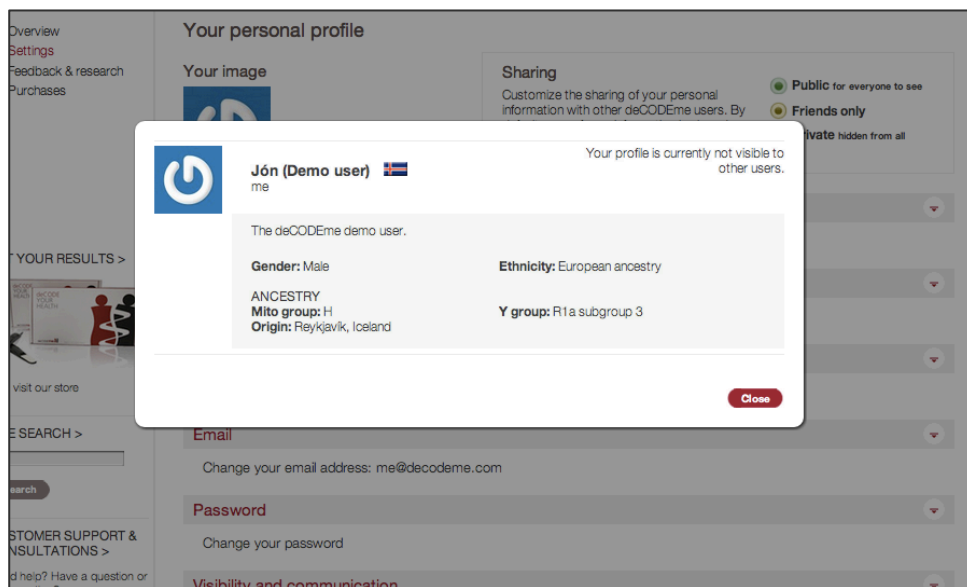


Figura 22 Página perteneciente al contexto Settings



**MAPA DE INTERACCIÓN**

Este contexto se encuentra dentro del sistema Home. Una vez el usuario inicia su sesión es posible acceder a sus datos personales en un solo paso.

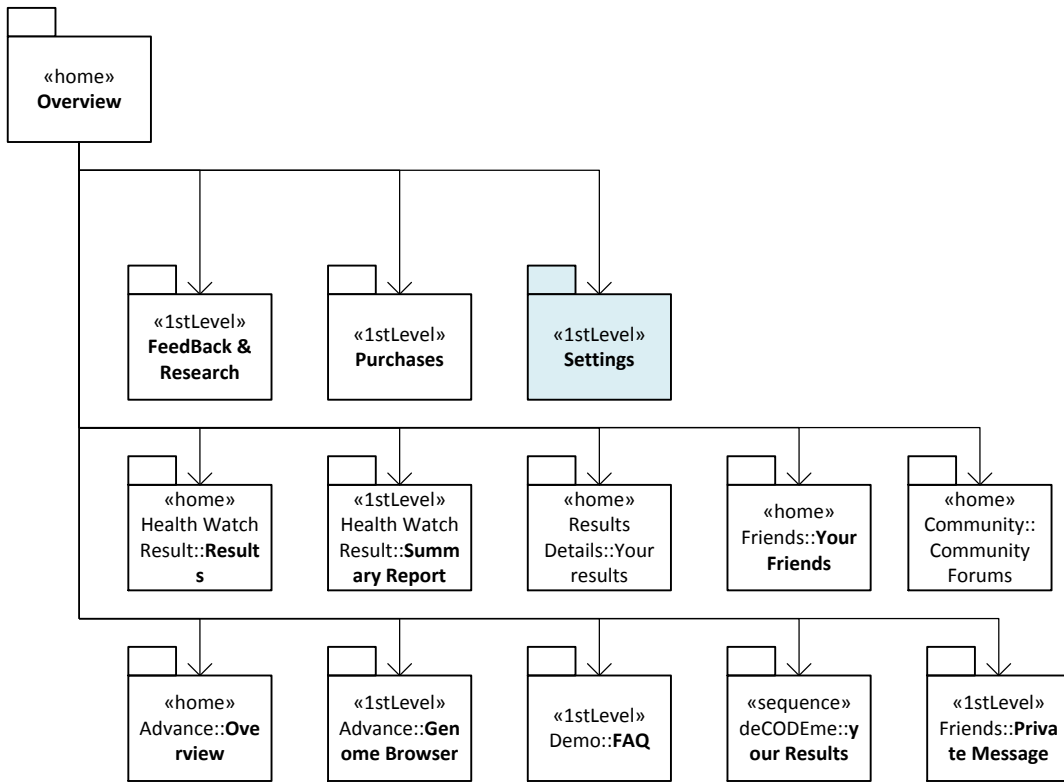


Figura 23 Mapa de Interacción del Contexto Settings

<b>Nombre</b>	<b>SETTINGS</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Muestra los datos almacenados por deCODEMe del usuario. Ofrece la posibilidad de editar los datos personales del usuario a través de formularios y configurar el grado de privacidad para cada uno de los atributos por separado. Se pueden elegir tres grados de privacidad: <ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Public:</b> Accesible para todo el mundo</li> <li>• <b>Friends only:</b> Accesible solo para los amigos</li> <li>• <b>Private:</b> nadie puede verlo.</li> </ul>
<b>URL</b>	<i>demo.decodeme.com/settings</i>
<b>Alcanzable desde</b>	Overview Health Watch Results::Results Friends::Your friends

Tabla 9 Detalles del contexto Settings

**CONTEXTO DE INTERACCIÓN**

Para modelar la vista preliminar de la información del usuario es necesario recurrir al patrón *Vista Resumida*.

<b>Summary View</b>	PublicProfile
<b>Applied to</b>	<i>View your public profile</i>
<b>Attributes</b>	Image Description Gender Ethnicity Mitogroup Origin <i>Y group</i>
<b>Activation Threshold</b>	1

Tabla 10 Summary View del contexto Settings

Una vez todos los datos son modificados es necesario seleccionar el botón “Save Changes” para que los cambios introducidos sean almacenados. Este formulario contiene por defecto los valores recuperados de la instancia del usuario.

<b>Service AIU</b>	<b>PersonalDetails</b>			
<b>Service</b>	User.setdetails			
<b>Input arguments</b>				
<b>Id</b>	<b>Alias</b>	<b>Type</b>	<b>Default</b>	<b>Constant</b>
name	Full name	string	User.name	False
nameShare		{0, 1, 2}	0	True
description		string	User.description	False
descriptionShare		{0, 1, 2}	0	True
birth	Date of Birth	Calendar.date	User.birth	True
birthShare		{0, 1, 2}	0	True
ageShare		{0, 1, 2}	0	True
gender	Gender		User.gender	True
genderShare		{0, 1, 2}	0	True
ethnicity	Ethnicity		User.ethincity	True
ethnicityShare		{0, 1, 2}	0	True
<b>Output Arguments</b>				
<b>Id</b>	<b>Alias</b>	<b>Type</b>	<b>Visibility</b>	
Id_error	Error	Int	False	
<b>Errors</b>	<b>Condition</b>	<b>Message</b>		
	if id_error == ?	“ ”		

Tabla 11 SAIU del contexto Settings

Para representar esta funcionalidad en OOWS 2.0 se recurre al patrón de *Inicialización del Argumento* como se puede observar en la columna default.

La edad es un parámetro que no puede introducir el usuario. A diferencia de ello, este dato es calculado a partir de la fecha de nacimiento introducida. Por este motivo se añade un nuevo servicio que se encargará de calcular la edad cada vez que se inicializa el campo *birth*.

<b>Service AIU</b>		CalculationAge		
<b>Service</b>		User.getAge		
<b>Input arguments</b>				
<b>Id</b>	<b>Alias</b>	<b>Type</b>	<b>Default</b>	<b>Constant</b>
birth	Date of birth	date	Calendar.date()	true
currentDate		date	system.date	false
<b>Output Arguments</b>				
<b>Id</b>	<b>Alias</b>	<b>Type</b>	<b>Visibility</b>	
age	Age	Int	True	

Tabla 12 SAIU del contexto Settings

## RESULTADOS DEL MODELADO DE OOWS 2.0 AL ESCENARIO

Este contexto es fundamentalmente un contexto especificado mediante varias las Services Abstract Interaction Units, debido a que mayoritariamente está compuesto por formularios que utilizará el usuario para añadir o modificar su información personal.

Uno de los problemas encontrados al utilizar OOWS 2.0 fue modelar el campo “Age”. El problema es que este campo depende de la fecha de nacimiento introducida. La principal complicación se encuentra al intentar plasmar la introducción del dato obtenido por el calendario y la recuperación de la fecha actual. Esto se podría solucionar insertando como input argument una función que devolviese un dato (en este caso se ha llamado *Calendar.date()*) en vez de un tipo de dato.

## 4.3 Conclusiones:

### 4.3.1 Carencias y mejoras en la aplicación del método

Gracias a la reingeniería inversa de OOWS 2.0 aplicada al portal de deCODEme hemos podido experimentar en primera persona la usabilidades del método cuando se aplica a casos reales. Esto nos ha dado la oportunidad de detectar las posibles carencias y por lo tanto introducir mejoras para avanzar en el perfeccionamiento del método. De esta forma será posible obtener futuro una versión más estable que la actual y que sea más adaptable a las webs actuales.

Del mismo modo nos ayuda a obtener una gran cantidad de información acerca de los diferentes tipos de usuarios involucrados, los tipos de navegaciones entre páginas o el número de contextos de interacción y unidades de interacción abstractas de las que se compone. Esto nos permite tener una idea de la diferencia de peso que tienen unas páginas con respecto a otras observando, por ejemplo, el número de contextos que apuntan a ella.

Otra de las ventajas que ha supuesto modelar el portal con OOWS 2.0 es que permite detectar posibles fallos en la estructura del portal y carencias de servicios o funcionalidades de la web. Al analizar profundamente el sitio web ha sido necesario revisar minuciosamente todos y cada uno de los enlaces que contiene y detectar que información está viajando entre ellos. Esto favorece a la detección de estructuras incorrectas.

Un ejemplo lo tenemos en la página donde se muestra la entrevista realizada en el programa "The Martha Stewart Show" <sup>12</sup>. Esta página es únicamente accesible a través del mapa del sitio, no pudiéndose alcanzar por ningún otro lugar.

Es por ello que hemos propuesto una serie de mejoras al modelo para que pueda adaptarse mejor a las exigencias que aparecen en los actuales portales.

Por último, hay que destacar la dificultad que supone realizar un proceso de ingeniería inversa de este estilo. Uno de los mayores desafíos fue trabajar sobre un modelo de objetos imaginario puesto que no teníamos acceso posible a él. En este caso la solución que utilizamos fue razonar como se supondría que debería de ser para que los contextos y unidades abstractas siguiesen un funcionamiento lo más lógico posible. Esto hizo que fuésemos desarrollando, a medida que analizábamos el portal, nuestro propio diagrama de objetos y usuarios, el cual podría o no parecerse al real.

#### **4.3.1.1 Carencias del método OOWS 2.0.**

El análisis de deCODEme ha dado como resultado una serie de carencias del método OOWS 2.0 las cuales se listan a continuación:

- Limitaciones en la especificación del filtro AIP.
- Falta de soporte para las encuestas porque las SIU no pueden soportar una colección de parámetros.
- Ausencia de navegaciones condicionales.
- Imposibilidad de modelar archivos de descarga.
- Ausencia de expresión en el método para modelar la carencia de selección de un ítem cuando hay una lista de opciones.
- La necesidad de usar listas de selección con fórmulas abiertas para definir filtros.

---

<sup>12</sup> [www.decodeme.com/discussing-genetic-risk-testing-on-martha-stewart](http://www.decodeme.com/discussing-genetic-risk-testing-on-martha-stewart)

En cambio, OOWS 2.0 soporta perfectamente los contextos estáticos. Si suponemos que una página HTML es una instancia compuesta por un título y un cuerpo, esta es fácilmente recuperable utilizando el patrón de Navegación por Objeto.

Por otra parte, obtener una representación clara del mapa de interacción ha resultado ser una tarea complicada en algunos casos. Los motivos pueden ser porque un subsistema puede componerse de muchos contextos, porque existe una gran cantidad de navegación entre los mismos contextos, o en el peor de los casos, una combinación de ambas.

#### 4.3.1.2 Mejoras

Gracias a haber analizado el portal a través de ingeniería inversa, obtuvimos una serie de carencias de OOWS 2.0 que podían ser mejoradas. Entre ellas elegimos las más importantes y que más a menudo se repetían para poder proponer una mejora que las adaptara a las nuevas webs 2.0.

Por lo tanto, el objetivo era mejorar y dar soporte a las siguientes características:

- Filtros dinámico y estático.
- Navegación condicionada.
- Mapa de interacción.

Para ello se utilizó el framework de modelado de **Eclipse EMF** (Eclipse Modelling Framework) para modificar el metamodelo actual del método OOWS 2.0. Eclipse EMF ayuda a hacer distinción entre el meta-modelo y el actual modelo. El meta-modelo es un modelo del modelo, es decir, describe las características y estructura del modelo. Un modelo es por lo tanto una instancia del meta-modelo. En definitiva, provee un framework para almacenar la información del modelo.

Esta meta-modelo está definido mediante el lenguaje Ecore, un subconjunto del lenguaje *Essential MOF* definido por la OMG. Mediante este modelo es posible especificar la información necesaria para definir modelos según el método OOWS 2.0. El lenguaje proporciona los siguiente constructores::

- *EClass*: se usa para modelar las entidades o constructores del modelo.
- *EAttribute*: modela los atributos de los constructores.
- *EDataType*: sirve para especificar nuevos tipos de los atributos que no sean estándar.
- *EReference*: se utiliza para modelar las relaciones entre los constructores.

Con EMF podemos especificar nuestro metamodelo que nos ayuda a tener una visión más clara de los modelos que se especificaran. También permite realizar cambios en el metamodelo de una manera más eficiente, como es el caso que mostraremos a continuación.

#### 4.3.1.2.1 Filtros avanzados

### INTRODUCCIÓN

Durante el ciclo de vida de un portal web es común que disponga de mucha información almacenada. Una situación común es querer mostrar únicamente la información deseada por y para el usuario en vez de toda la disponible. Es por ello que nace la necesidad de filtrar parte de ella de manera que solo se muestre la necesaria.

Para que ello sea posible se definieron los filtros. Estos son mecanismos para refinar la información ofrecida al usuario. Una Population AIU recupera todas las instancias de la clase principal que se desea mostrar. En el caso de que este número sea elevado los filtros permiten restringir un conjunto de instancias por uno o varios de sus atributos y descarta todas aquellas instancias que no coinciden con la fórmula introducida. En OOWS 2.0 estos filtros pueden ser dinámicos o estáticos.

Como filtro dinámico entendemos por un filtro el cual restringe a través de una fórmula abierta personalizada por el usuario (por ejemplo introducir un valor en un campo de para buscar las coincidencias en la web), por el contrario, los filtros estáticos son formulas cerradas.

### EJEMPLO DE UN ESCENARIO

URL: [www.decode.me/complete-genetic-scan](http://www.decode.me/complete-genetic-scan)

DeCODEme contiene una sección donde recopila varias experiencias de usuarios que han probado sus productos. En la página mostrada a continuación se puede observar, en la parte derecha, una selección de alguna de ellas. Este espacio sirve para mostrar de forma resumida una opinión positiva del servicio que ofrecen y de esta manera motivar en cierta manera al usuario para que adquiera el producto.

The screenshot shows the deCODEme website interface. At the top, there is a navigation bar with links: 'How deCODEme Works', 'Health', 'Genetics Explained', 'Try Demo', 'Store', and 'Login'. The 'Health' link is highlighted. On the left sidebar, there is a 'Genes and health' section with a list of conditions: 'Genes and health', 'Conditions we cover', 'Complete scan' (highlighted), 'Cancer scan', and 'Cardio scan'. Below this is a section titled 'DISCOVER YOUR GENETIC RISK FOR 47 MEDICAL CONDITIONS >' with a dropdown menu labeled 'select a condition...'. Further down is 'CUSTOMER SUPPORT & CONSULTATIONS >' and a link 'Need help? Have a question'. The main content area features a large image of a family (a man, a woman, and two children) sitting on a grassy hill. To the right of the image is the heading 'deCODEme Complete Scan' followed by a paragraph: 'Explore your genetic risk factors and keep a vigilant eye on your prospects for prolonged health. The Complete Scan is the most accurate, advanced and comprehensive test of its kind.' Below this is another paragraph: 'The Complete Scan focuses on medical conditions that can either be improved by altering your lifestyle or have better treatment options if caught early.' At the bottom of this section, it says '\$1,100 USD'. To the right of the main content, there are two customer testimonials. The first is from Kurt Hales M.D., Ob/Gyn, deCODEme customer, with a quote: 'The whole future of medicine rests with prevention and not treating end-stage disease.' Below the quote is a link 'our customer stories'. The second testimonial is from another customer, with a quote: 'With my family history, I thought it'd be a good idea to get more knowledge about myself.' Below this is another link 'our customer stories'. At the bottom of the main content area, there is a section titled 'Learning about risk is the first step towards prolonged health' with a paragraph: 'Get an overall picture of your genetic risk for many of the most common diseases, an in-depth analysis for each medical trait or condition all in one package.' Below this, it says 'Included in the Complete Scan are the following:'.

Figura 24 Página correspondiente al contexto Complete Scan

### **PORQUE OOWS 2.0 NO LO SOPORTA**

Los filtros en OOWS 2.0 restringen un objeto o un conjunto de ellos en función de una fórmula que define la condición de filtrado. En este caso, no es posible encontrar un patrón que seleccione estas historias en vez de otras (por ejemplo seleccionar las más recientes, solo las de los clientes...).

Para que ello sea posible, el filtro debería de llamar a una función que se encargase de recuperar identificadores de forma aleatoria y restringir las instancias los valores obtenidos. Sin embargo, los filtros no soportan llamadas a funciones avanzadas como este caso.

Por otra parte, según la especificación, el filtro debe de encontrarse inicialmente desactivado y debe de activarse por la acción del usuario. En este contexto el filtro se automáticamente al acceder a la página sin que haya interacción por parte de los usuarios.

### **META-MODELO EN EMF Y EXPLICACIÓN**

Para dar soporte a estas nuevas exigencias encontradas en los filtros hemos modificado el meta-modelo Ecore de OOWS 2.0 para añadir funcionalidades más avanzadas.

Para lograrlo se han modificado los patrones auxiliares de interacción (AIP) que se encuentran en `AuxiliaryInteractionPatterns`. Hemos definido los filtros *StaticFilter* y *DynamicFilter* los cuales heredan ambos de *FilterAIP*.

*DynamicFilter* se compone de dos elementos: una fórmula y un argumento. El argumento hace referencia a un valor introducido por el usuario y la fórmula es la que recoge ese valor y filtra los datos para mostrar los adecuados. Tanto *StaticFilter* como *DynamicFilter* contienen un atributo llamado *default*, si este atributo tiene el valor *True* significa que el filtro estará activo cuando se acceda a la página sin interacción del usuario. En caso contrario este filtro permanecerá desactivado hasta que el usuario lo accione.

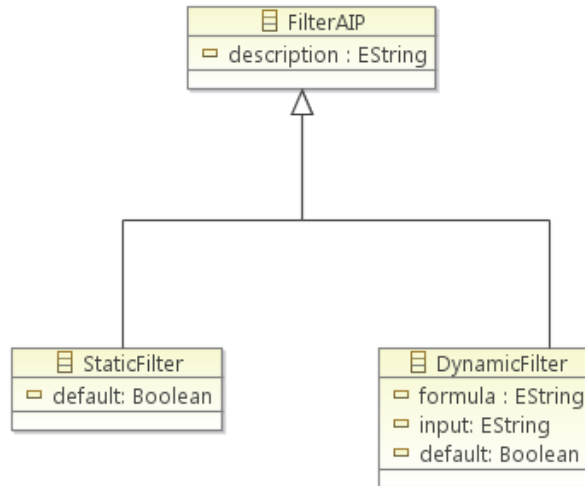


Figura 25 Meta-modelo del Filtro avanzado

#### 4.3.1.2.2 Navegación condicional.

##### Introducción

En las páginas actuales, es muy fácil encontrar navegaciones entre contextos, en las que se evalúa una condición antes de permitir esta navegación o elegir el contexto destino entre varias opciones. Las condiciones pueden ser comprobar si el usuario está registrado, los permisos que dispone, cierto valor seleccionado, etc.

##### Ejemplo de un escenario

DeCODEme ofrece un espacio de demostración donde los usuarios anónimos pueden navegar a través de los resultados de un análisis ficticio. Este espacio muestra como estaría distribuido su espacio personal y cómo se representa la información relacionada con las enfermedades y el resultado obtenido de la secuenciación genómica.

Este espacio de demostración no permite el acceso a todos sus contextos si no eres un usuario registrado. Como se puede observar en la imagen, al seleccionar una de sus opciones avanzadas, el sistema evalúa si el usuario es un cliente que ha comprado un servicio o un usuario anónimo. En este caso, al ser anónimo nos envía al contexto inicial con un mensaje indicándonos que no tenemos privilegios de acceso.



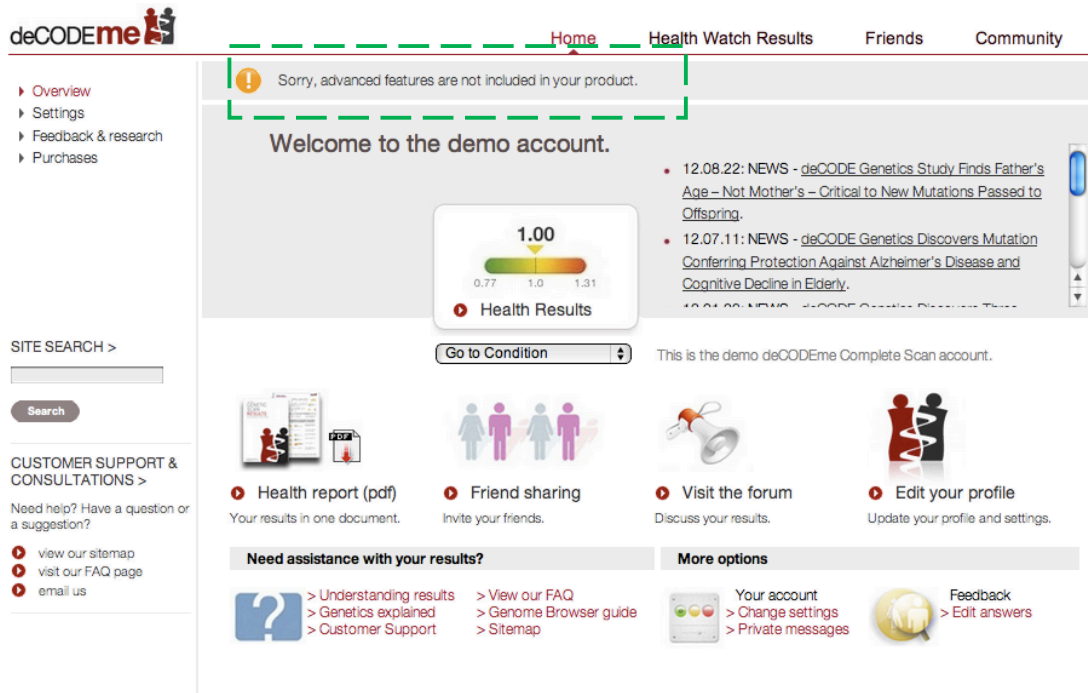


Figura 26 Página correspondiente al contexto Overview

### Porque OOWS 2.0 no lo soporta

El modelo OOWS 2.0 define las navegaciones entre contextos como la ruta entre un contexto inicial y otro destino. En esta definición no hay cabida para la especificación de condiciones a evaluar antes de realizar dicha navegación.

### Meta-modelo aproximado sugerido en EMF y explicación

Para añadir esta característica han añadido dos atributos nuevos a la entidad Navegación del meta-modelo. Para ello es necesario que pueda recibir un parámetro de entrada y disponga de una fórmula con una expresión para poder ser evaluada. De esta manera es posible condicionar la navegación según características o elecciones del usuario mientras navega por el portal web.

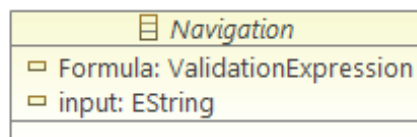


Figura 27 Meta-modelo de la Navegación Condicionada

#### 4.3.1.2.3 Mapa de interacción.

##### **Introducción**

En las páginas web complejas, el mapa de interacción donde se muestra una vista global del sistema suele componerse de una gran cantidad de contextos. Este mapa global debe representar de forma clara la página Inicial, los contextos de primer nivel e incluso los enlaces del pie de página y encabezado. En ocasiones estos contextos y las relaciones entre ellos son tan elevadas, que crear un mapa limpio y fácil de entender por el analista resulta una tarea muy complicada.

##### **Ejemplo de un escenario**

Como escenario para representar esta problemática se ha elegido el mapa de interacción de la **Figura 8** que se encuentra por defecto al acceder a deCODEme. Este mapa de interacción está compuesto por 29 contextos. Entre ellos se incluye elementos de primer nivel, subsistemas, el encabezado y pie de página, e incluso contextos de primer nivel que pertenecen a otros subsistemas.

Figura 28 Mapa de Interacción de la página deCODEme

##### **Porque OOWS 2.0 no lo soporta**

Si seguimos la especificación de los mapas de interacción introducida por F.Valverde [3] deben de estar representados en la página Inicial, los contextos de primer nivel, secuencia y subsistemas. En ocasiones este mapa puede ser difícil de entender si el número de contextos presentes es muy alto. Cuando están presentes un gran número de ellos, conseguir que no quede un mapa enrevesado puede resultar una tarea complicada.

##### **Meta-modelo aproximado sugerido en EMF y explicación**

Para mejorar los mapas de interacción se ha propuesto añadir el concepto de mapas jerárquicos de acuerdo con su estructura original. Con esta nueva agrupación se puede conseguir por una parte clasificar los contextos de la misma temática, (pie de página, información sobre la compañía...) o separar un conjunto de navegaciones del mapa que solo son accesibles a través de uno de sus contextos.

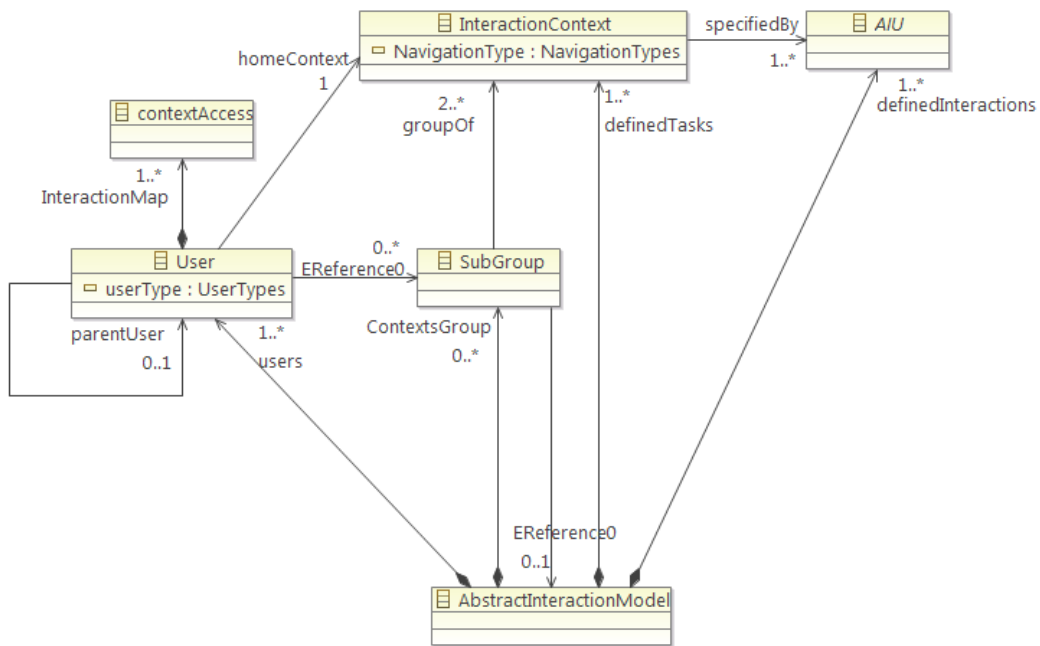


Figura 29 Meta-modelo del mapa navegacional

#### 4.3.1.3 Resultado de las modificaciones aportadas

Con las modificaciones aportadas se ha obtenido una mejora importante en la expresividad del método. En la siguiente tabla se muestra el número de CI y AUI en que se compone deCODEme, hay que sumarle el contexto principal Home que no está incluido.

Ejemplo Ilustrativo	CI Totales	1 <sup>st</sup> Level	Subsys	2 <sup>nd</sup> Level	Sequence	PAIU	SAIU
deCODEme	75	19	10	33	12	160	29

Como se puede observar en la siguiente tabla, no todos ellos estaban completamente soportados por OOWS 2.0 El mayor problema que se encontró fue la carencia de filtros automáticos que no precisaran de intervención del usuario para activarse (40% de los casos) seguido de un 16% de los casos por no soportar navegaciones condicionales entre contextos. El resto de contextos no soportados eran por diversa índole, desde necesitar características más avanzadas en los filtros a soporte para las encuestas.

Ejemplo Ilustrativo	Nº de CI	% de web soportada
deCODEme	57	76%

Después de este análisis y las modificaciones propuestas en OOWS 2.0 para poder dar soporte a los filtros avanzados, la navegación condicional y el mapa de interacción con

soporte para multi-niveles se obtuvieron unos buenos resultados, se consiguió pasar de un 76% a un 90% de porcentaje de la web soportada por OOWS 2.0.

### 4.3.2 Carencias y puntos a favor del portal deCODEme

Durante el análisis del método se obtuvieron características tanto negativas como positivas del portal. Esto nos sirvió para tener en cuenta estas peculiaridades en el portal que se deseaba desarrollar para GemBiosoft.

Como **puntos favorables** a tener en cuenta se obtuvieron los siguientes:

- El portal debe de tener un estilo gráfico que invite a entrar al usuario, sin abrumarle con mucha información, usando colores agradables.
- Resulta útil la realización de encuestas a los usuarios, como herramienta para obtener retroalimentación de los análisis realizados. De esta manera se pueden detectar fallos y realizar mejoras a través de la experiencia de los propios clientes.
- La introducción de los foros invita a participar en la comunidad a los usuarios y dejar sus opiniones o posibles dudas que se presenten cuando reciben los resultados de sus análisis.
- Los datos de contacto para resolver posibles dudas, ya sea por teléfono o por email estaban siempre accesibles desde cualquier punto de la web.
- Acompañar los resultados de los análisis con una representación gráfica ayuda a entender a los usuarios los datos obtenidos tras la secuenciación del ADN
- Las cuentas de prueba son un buen aliciente para los usuarios que no hayan contratado servicios. De esta forma ofrecen la opción de ver como se mostraría su espacio privado antes de decidirse por contratar uno de sus servicios.

Por otro lado, se localizaron las siguientes **carencias**:

- No ofrecen información sobre como mejora las conductas para tener una vida saludable, como las dietas que mejor funcionan al metabolismo, los tipos de ejercicios que más efecto producen en el cuerpo o el estado nutricional del organismo.
- En diversos casos los resultados de los análisis no tenían un respaldo fielmente científico lo que perdía credibilidad en cuanto a los datos ofrecidos.
- Las redes sociales no están muy presentes en este tipo de portales. No existe la posibilidad de compartir información específica o noticias que puedas encontrar en la web.
- Disponen de una cuenta de prueba para mostrar a los usuarios anónimos lo que ofrecen. Esta cuenta no permite el acceso al 100% de todos sus servicios, dando la impresión de que proporcionan menos funcionalidades de las que realmente poseen.

## Capítulo 5

# Desarrollo sistemático de un sistema de genómica personalizada

Plantearse la realización de una página web, en este caso un sistema de información de genómica personalizada, no es una tarea trivial puesto que puede resultar un trabajo complicado y laborioso si no se deciden correctamente las herramientas adecuadas.

Cuando se comenzaron a desarrollar los primeros portales, los editores existentes en el mercado eran bastantes simples y poco funcionales. Debido a esto si se querían crear diseños más complejos era necesario recurrir a un editor de textos convencionales para modificar desde ahí los archivos HTML. Al paso de los años estos editores fueron evolucionaron para poder añadir más funcionalidades que controlasen la estructura de la web, diseño y comportamiento. Sin embargo, todos estos editores estaban más focalizados en la creación y diseño de la web que en el mantenimiento y la actualización continua de los contenidos.

En los últimos años ha ido creciendo una tendencia a desarrollar sistemas que faciliten las tareas de gestión de los contenidos, de aquí es donde nace el concepto de sistema de gestión de contenido (Content Management System o CMS)

Estos sistemas son principalmente herramientas para crear y mantener los contenidos de una web. Posibilitan la actualización, mantenimiento y ampliación de la web a través de varios usuarios.

### 5.1 Motivación

#### 5.1.1 Que es un CMS

Como se ha introducido, un sistema de gestión de contenidos (Content Management System o CMS) [17] es un software creado principalmente para ayudar a gestionar un sitio web sin tener en cuenta el propósito del portal. Estos CMS están diseñados de manera que

un usuario pueda subir contenidos a la web sin necesidad de poseer previamente conocimientos de HTML o CSS. En otras palabras, no es necesario escribir código para realizar esta función.

Según propuso J. Roberston [13] los CMS pueden dividirse según sus funcionalidades en cuatro categorías distintas: **creación de contenido, gestión de contenido, publicación y presentación.**

### **CREACIÓN DE CONTENIDOS**

Este proceso ofrece la funcionalidad de crear contenidos en la web dentro de un entorno controlado. Para que esto sea posible los CMS ofrecen herramientas que ayudan en gran medida a que los creadores de contenidos no tengan que preocuparse por el código y puedan centrarse en el contenido.

Estos contenidos tienen una estructura predefinida. Dependiendo de la temática del portal y sus exigencias, pueden ser de varios tipos como por ejemplo noticias, eventos u otros tipos más personalizados de elementos. En el desarrollo del portal genómico para la empresa GemBiosoft, se hizo necesario crear varias estructuras nuevas.

Los CMS suelen ofrecer un editor de texto del tipo WYSIWYG<sup>13</sup>. Estos editores de texto se caracterizan por que el usuario ve cómo quedará el contenido al mismo tiempo que lo está escribiendo. La libertad de los editores a la hora de personalizar el texto es configurable. El administrador puede dar más libertad o menos a través de CSS al editor para crear los contenidos a su parecer. Normalmente las opciones para dar formato suelen estar limitadas. El propósito de esta limitación es básicamente una medida para garantizar que se mantenga la homogeneidad del portal.

Por otra parte la mayoría de las veces los editores actuales no se caracterizan por tener un perfil técnico y siempre se busca simplificar y agilizar las tareas de creación o modificación de los contenidos. Es por ello que esta herramienta resulta casi imprescindible en cualquier CMS por su facilidad de uso y comodidad de acceso desde cualquier ordenador mediante una conexión a internet y un navegador.

Los CMS aparte de ofrecer herramientas para la edición de las páginas también permiten definir nuevas estructuras (como noticias, eventos...), plantillas para el aspecto visual o nuevos plugins que añaden más funcionalidades al gestor de contenidos.

### **GESTIÓN DE CONTENIDOS**

El gestor de contenidos funciona alrededor de una base de datos central, en la cual se depositan tanto los documentos creados por los usuarios como el resto de datos de la web, como por ejemplo la información relativa a un documento, las fechas de las modificaciones, los usuarios o las preferencias del portal.

La estructura de la web suele presentarse de una manera jerárquica. Esto es necesario para poder configurar los permisos que cada grupo de usuarios o roles tienen sobre la

---

<sup>13</sup> *What You See Is What You Get (Lo que ves es lo que obtienes)*

estructura. De esta manera es posible definir un ciclo de trabajo y mantener el control sobre las versiones y publicaciones de todos los contenidos creados.

### **PUBLICACIÓN**

Cuando un editor crea un contenido este no es publicado hasta que un usuario con el rol de publicador lo acepta pudiéndose publicar al instante o automáticamente cuando llega una fecha determinada.

A todos los contenidos publicados se les aplica un patrón previamente definido de manera que el contenido es mostrado dando un aspecto consistente con respecto a las páginas y al resto de contenidos. Esta separación entre el contenido y la apariencia ofrece la posibilidad de modificar el aspecto visual general del sitio web sin que por ello se vean afectados los contenidos de forma alguna.

### **PRESENTACIÓN**

Los CMS ofrecen herramientas para gestionar automáticamente la accesibilidad de la web y opciones de personalización para poder adaptarse a los usuarios según sus preferencias y necesidades.

También pueden proporcionar funcionalidades de internacionalización, para permitir cambiar el idioma de la web, y compatibilidades con otras plataformas.

## **5.2 Análisis de las herramientas de desarrollo.**

Una situación típica cuando un desarrollador tiene que seleccionar la herramienta de desarrollo de la página web es el decidirse por cuál de las opciones es la que más se adapta a sus necesidades.

La creación de un nuevo sitio web no es una tarea trivial en la cual siempre se sigan los mismos pasos. Por el contrario hay una serie de opciones que hay que tener en cuenta lo que normalmente suele llevara a tomar una decisión dentro de las tres opciones siguientes: desarrollo desde cero, uso de Frameworks o elección de un CMS.

### **5.2.1 Desarrollo desde cero.**

Como desarrollo desde cero nos referimos a la completa escritura del código de la web. La ventaja principal de seguir un desarrollo desde cero es el control total del código desarrollado puesto que todo el código existente ha sido realizado por el desarrollador. Cuando se sigue esta técnica de desarrollo es posible lograr un sistema único que encaja exactamente con las necesidades de la web.

El verdadero inconveniente es que requiere mucho más trabajo ya que se deben de resolver todo tipo de errores y existe el riesgo de caer en la reinención de la rueda. Para que un desarrollo desde cero sea exitoso es condición indispensable que los

programadores sean ordenados y metódicos con el fin de conseguir un código más eficiente. Por otra parte se deberá de realizar un testeo de cada una de las partes en las que se componen, desde las más simples a las más completas.

Por todos estos motivos la programación desde cero es una buena opción si el proyecto a desarrollar es pequeño o si por el contrario los desarrolladores carecen de conocimientos sobre Frameworks o CMS y se dispone de poco tiempo. En este último caso hay que tener en cuenta la curva de aprendizaje ya que es mucho mayor dependiendo del tipo de Framework o CMS que se utilice.

Se decidió no decantarse por esta técnica puesto que supone un gran trabajo de testeo y tiempo que no considerábamos necesario debido al resto de opciones que teníamos.

### 5.2.2 Framework

Un Framework es una estructura tecnológica que tiene un soporte definido orientado a objetos. Normalmente está compuesta por componentes que pueden ser fácilmente personalizables e intercambiables para la buena personalización del desarrollo de la aplicación web. En cierta manera, un Framework podría considerarse como una aplicación genérica e incompleta a la que es necesario definir ciertas piezas para lograr que el portal funcione como los desarrolladores desean.

Los Frameworks permiten acelerar el proceso de desarrollo en comparación con una programación desde cero siempre y cuando se posea de los conocimientos adecuados sobre su utilización. El motivo por el que es más rápido la utilización de Frameworks, si no tenemos en cuenta la curva de aprendizaje, es que nos permite a reutilizar código. Como resultado de esto obtenemos mayor productividad en un periodo más corto de tiempo. Por otra parte también promueve las buenas prácticas de desarrollo incluyendo el uso de patrones como MVC (modelo-vista-controlador)

Las ventajas de utilización de un framework son que la parte básica del código ya está programada pudiendo saltar a la parte importante de la aplicación como es la personalización y programación de las funcionalidades únicas de la página.

En cuanto al testeo se evita en gran parte ,debido a que muchas partes del código ya se encuentran testeadas a diferencia de la programación desde cero que es necesario testear desde las partes más complejas a las más simples.

Pero también tienen sus inconvenientes, los frameworks siguen por norma general una organización y estructura de programación a la cual hay que adaptarse. Al no haber escrito desde cero el código pueden surgir problemas en cuanto a que las funciones ya existentes no sean totalmente transparentes, por lo que es más difícil de resolver peculiaridades que se puedan encontrar.

Como bien se ha mencionado antes, los frameworks requieren de una curva de aprendizaje bastante elevada, en la cual si el programador no tienen experiencia es posible que se pierda bastante tiempo hasta que se consiga dominar, lo que reduce considerablemente el tiempo de desarrollo de la aplicación.



Por lo tanto, los frameworks son adecuados cuando el proyecto web a desarrollar es muy personalizado, con funcionalidades atípicas y siempre y cuando se conozca de antemano el funcionamiento o se dispone de tiempo para aprenderlo.

En nuestro caso no se disponía de gran experiencia en este ámbito con lo que se hubiera alargado notablemente el tiempo de desarrollo.

### 5.2.3 CMS

Como última opción estuvimos estudiando la posibilidad de utilizar un CMS para desarrollar nuestra aplicación. A pesar de ser la opción menos personalizable, es la que menos tiempo de desarrollo necesita ya que la mayoría de las funcionalidades básicas ya están desarrolladas por lo que no caemos en el error de “reinventar la rueda”.

Los CMS también nos ayudan a crear contenidos de calidad y asegurar que toda la página web tenga una apariencia homogénea desde el primer momento.

Muchos CMS también están configurados de manera que resultan una buena herramienta SEO, también ofrecen controles de calidad del código como la posibilidad de validarlo según W3C (World Wide Web Consortium) [22] que asegura una correcta visualización en distintos navegadores y facilitan que los buscadores puedan rastrearla sin problemas. Por otra parte suelen surgir problemas cuando se elige un CMS poco conocido que no suele tener muchos seguidores. El problema de ello es cuando se intenta desarrollar funcionalidades más complejas o específicas. Al hacer esto, normalmente se suelen presentar problemas de los que se necesita buscar una solución. En este caso, disponer de una gran comunidad de usuarios que hacen uso del mismo CMS suele ayudar en una gran medida a solventar las peculiaridades del CMS.

Después de sopesar cada una de las alternativas que disponíamos nos decantamos finalmente por la utilización de un CMS. Debido al tamaño de la web que queríamos crear no era viable realizar una programación desde cero. Gracias a la flexibilidad y escalabilidad que los CMS ofrecen y la baja curva de aprendizaje comparado con los Frameworks nos pareció la mejor opción con la que empezar el proyecto.

## 5.3 Selección de la tecnología

### 5.3.1 Lenguaje de Programación

En cuanto a las tecnologías tuvimos en consideración PHP y Java. La razón era porque ambas son las más usadas en cuanto a desarrollo web.

PHP es un lenguaje del lado del servidor, sin embargo java tiene un propósito más general, puede estar tanto del lado del servidor como del cliente. Si ponemos el caso de usuarios con poca experiencia, la programación en PHP es una tarea fácil, en el caso de JSP también es sencillo crear y cambiar una página. Sin embargo, para las tareas de programación más avanzadas esta tarea es un poco más complicada. Por el contrario java dispone de un gran

conjunto de interfaces de programación de aplicaciones(Application Programming Interface, API), junto con otros proyectos de código abierto.

Otro de los motivos por los que elegimos Java por la idea de integrar nuestra aplicación con Diagen. Este software está basado en java y es capaz de analizar secuencias genéticas con el fin de encontrar mutaciones y genes relacionados con la aparición de enfermedades. Este software está desarrollado completamente en Java, con lo que la adaptación del portal a Diagen sería mucho más liviana.

### 5.3.2 Elección del CMS

Una vez con los conceptos claros de lo que buscábamos solo quedaba seleccionar el CMS [19] basado en Java que mejor se adaptara a los requerimientos que fuésemos a necesitar. Como existe una amplia gama de CMS nos ayudamos de herramientas como WebMatrix [24] que muestra de manera simple las características y diferencias entre los CMS que estemos comparando (se puede consultar la tabla en el Anexo 2). En este caso elegimos los que aparecen en la tabla, ya que eran las que mejor referencia teníamos entre todos los Open Source.

De los 4 CMS seleccionados basados en java para hacer la comparación, es posible ver en la tabla del anexo 2 que tanto Hippo como dotCMS predominan en las funcionalidades que ofrecen. Finalmente, entre los dos se seleccionó dotCMS por diversos motivos:

- Dispone de mucha **experiencia** al llevar varios años en el mercado. La primera versión del producto fue lanzada en el 2005 lo que garantiza una estabilidad y confianza.
- Un buen número de usuarios han seleccionado esta plataforma como sistema de desarrollo de sus portales. Esto da pie a una **gran comunidad** sus espaldas . Dispone de 2 grupos de discusión abiertos: Google Group<sup>14</sup> con casi 1000 temas creados y unos 8 mensajes al día y un foro en su propia página web<sup>15</sup> con más de 3700 temas abiertos y alrededor de 10 mensajes al día.
- Debido a la gran comunidad que respalda este CMS han sido creados una gran diversidad de **plugins** que ayudan adaptar y extender el producto a desarrollar. Los plugins pueden ser desarrollados en PHP, Velocity o JSP.
- **Empresas importantes** con un volumen alto de actividad han elegido este CMS como herramienta para sus portales, ejemplos de ello lo tenemos en Panasonic, Ask.com, Thomson, Toyota y Honda.
- Tienen una gran actividad con lo referente al **mantenimiento y versionado** del producto. Durante la realización de esta tesis y el periodo en el que el sitio web de GemBiosoft ha sido desarrollado han pasado de la versión 1.9 a la 2.0 , incluyendo un total de seis releases entre ellas..

---

14. [groups.google.com/forum/?fromgroups#!forum/dotcms](https://groups.google.com/forum/?fromgroups#!forum/dotcms)

15. [forumarchive.dotcms.com](https://forumarchive.dotcms.com)

- También cabe destacar que es compatible con las bases de datos más comunes [25] (**PostgreSQL**<sup>16</sup>, **MySQL**<sup>17</sup> y **Oracle**<sup>18</sup>), es ejecutable en los principales servidores de aplicaciones Java, utiliza **Tomcat**<sup>19</sup> como plataforma de desarrollo y es compatible con los estándares de SOAP, XML y HTML5.
- En cuanto a la **internacionalización** ofrece un buen soporte para idiomas, pudiendo crear una web multi-lenguaje con muy pocos pasos.

Todas estas características califican a dotCMS como una elección segura entre las otras opciones posibles.

### 5.3.3 Elección de la base de datos

Una vez decidido el CMS falta por seleccionar la base de datos que íbamos a utilizar. En este caso la decisión fue más sencilla. Queríamos utilizar una base de datos que fuese gratuita, por lo que entre Oracle, MySQL y PostgreSQL tuvimos que descartar la primera de ellas.

La segunda opción que estuvimos manejando fue MySQL. Esta base de datos ha sido adquirida, no hace mucho, por [14]. Aunque a día de hoy sigue siendo gratuita, no queda claro que esto siga así en un futuro próximo.

En conclusión seleccionamos PostgreSQL, aparte de los motivos comentados anteriormente, es la plataforma de desarrollo que utiliza dotCMS y por un gran número de sistemas comerciales gratuitos lo que le da cierta confianza y prestigio a la hora de tener que elegir una base de datos de desarrollo.

## 5.4 Descripción detallada de dotCMS.

DotCMS es un sistema de gestión de contenidos web basados en Java y con un servidor de aplicaciones que corre sobre Apache Tomcat. Su tarea principal es construir y gestionar sitios webs, sus contenidos y aplicaciones. A continuación se explica más detalladamente el funcionamiento y características de este CMS.

### 5.4.1 Contenidos principales de dotCMS

En dotCMS, crear una nueva plantilla y páginas basadas en esas plantillas no es un proceso muy laborioso. Para entender como está organizado y su funcionamiento es necesario introducir los tres elementos principales que dotCMS utiliza para componer una página web: contenido, plantillas y contenedores.

---

16. [postgresql.org.es](http://postgresql.org.es)

17. [mysql.com](http://mysql.com)

18. [oracle.com](http://oracle.com)

19. [tomcat.apache.org/](http://tomcat.apache.org/)

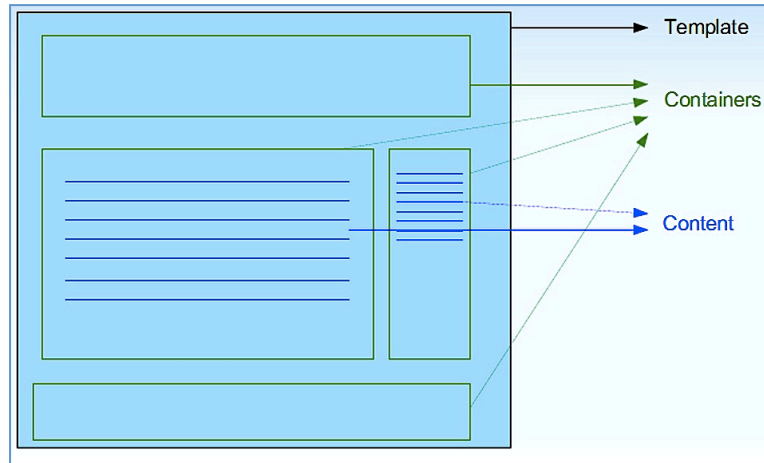


Figura 30 Componentes principales de dotCMS

### CONTENIDOS.

La relación entre los contenidos (*Contents*) y dotCMS se realizan mediante las estructuras (*Structure*) esto son tipos de información que disponen de una serie de atributos personalizados definidos previamente (noticias, eventos, productos...). Estas estructuras se administran a través de un back-end portlet. Cada estructura está compuesta por una serie de atributos o campos en los que se puede definir el nombre, el tipo de contenido y el orden en el que será mostrado. Por ejemplo, la estructura “web page content” (página web) está compuesta por un título y el cuerpo de la página, mientras que el tipo de estructura “events” (eventos) se compone de título, fecha, hora, lugar, descripción, link.. etc.

Por lo tanto las estructuras permiten al CMS adaptarse al público y características del portal debido a que se pueden crear y definir estructuras según las necesidades.

Por otra parte es posible crear relaciones entre las estructuras, permitiendo de esta forma asociar unos contenidos con otros. No existe un límite de estructuras que se pueden utilizar. También es posible crear categorías que permiten clasificar contenidos y pueden utilizarse como un tipo de atributo de estructura.

Existen dos tipos distintos de estructura: el “contenido” y el “widget”. El widget se compone de dos campos obligatorios, el título y otro para escribir el código en velocity. Este código se puede desarrollar de manera que pueda recuperar por ejemplo contenido de otra estructura que cumpla con cierta condición predefinida en el código.

Para cada tipo de estructura es posible definir los siguientes permisos:

- **View:** da la posibilidad al usuario de ver el contenido de la estructura.
- **Edit:** permite editar el contenido ( sin llegar a publicarlo)
- **Publish:** permite publicar el contenido
- **Edit permissions:** permite editar los permisos de la estructura.

### PLANTILLAS

Plantillas o “Templates” definen la organización de la página. Estas plantillas son necesarias para agilizar la tarea de organizar la página y poder seguir una estructura homogénea en todo el sitio web.

## CONTENEDORES

Por otra parte también existen otro tipo de elementos que son los **contenedores** o “Containers” Estos elementos se insertan dentro de las plantillas y permiten definir código HTML de manera que pueda ser reutilizado las veces que se necesite o en cambio, añadir algún elemento del repositorio en las páginas.

### 5.4.2 Sistema de archivos

El sistema de archivos está compuesto páginas, carpetas y ficheros los cuales ayudan a mantener una web estructurada. Estos componentes son gestionados a través del menú del administrador como de una jerarquía de directorios.

El *Host* representa el sitio web que está gestionando dotCMS. Un simple servidor dotCMS puede gestionar varios Hosts al mismo tiempo. Es el primer elemento que se ha de crear para empezar a desarrollar un sistema. A continuación se han definido los principales elementos.

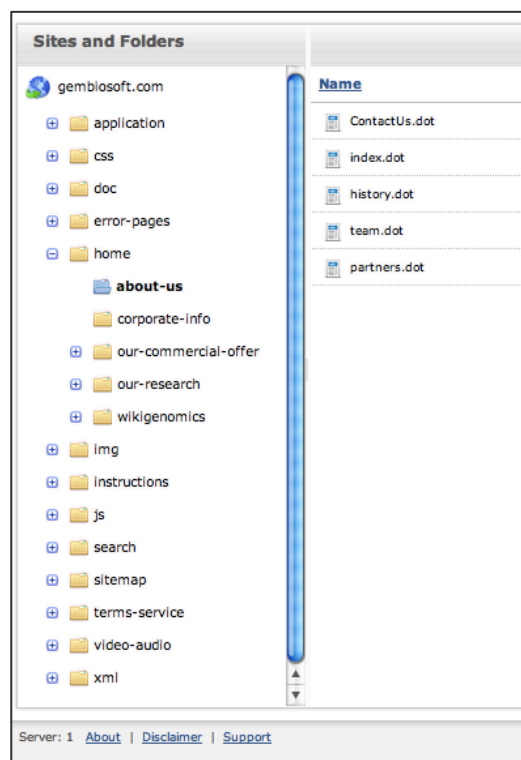
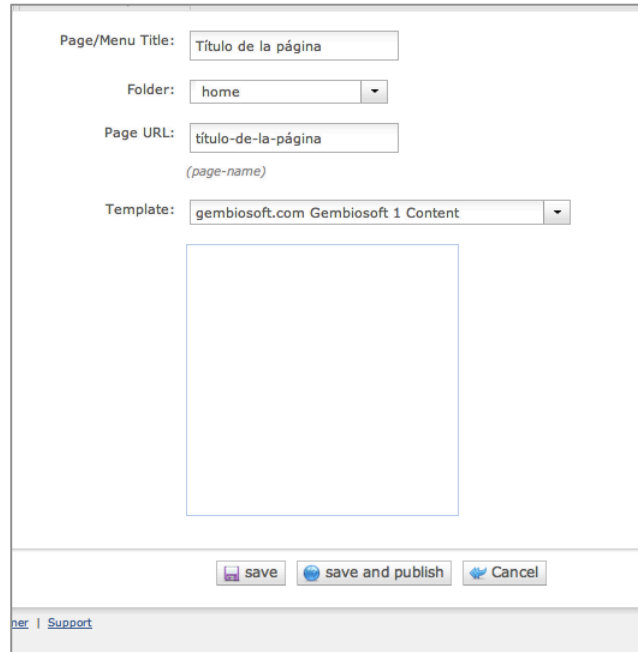


Figura 31 Interfaz de administración de la estructura del portal

## PÁGINAS

Las páginas en dotCMS son elementos con la extensión *.dot* que utilizan templates con el fin de garantizar una homogeneidad y agilizar la creación de las mismas. Cuando se crea una página HTML es condición indispensable asignar un Template. Este template

define la estructura que tendrá la página y los contenedores que se usarán para añadir contenido a la página HTML. Existe diversas herramientas para facilitar la creación de páginas HTML permitiendo la edición y pre-visualización sin necesidad de publicarlo previamente.



The screenshot displays a web-based form for creating or editing an HTML page. The form includes the following elements:

- Page/Menu Title:** A text input field containing "Título de la página".
- Folder:** A dropdown menu currently set to "home".
- Page URL:** A text input field containing "título-de-la-página", with a note "(page-name)" below it.
- Template:** A dropdown menu currently set to "gembiosoft.com Gembiosoft 1 Content".
- Preview:** A large empty rectangular box intended for a live preview of the page.
- Actions:** Three buttons at the bottom: "save", "save and publish", and "Cancel".
- Footer:** A small link "ner | Support" is visible in the bottom left corner.

Figura 32 Interfaz de administración del contenido de tipo HTML Page

#### CARPETAS:

Al seleccionar una de las carpetas en el directorio de "Sites and Folders" se puede acceder a su contenido. Este contenido puede ser o bien otras carpetas o bien ficheros.

#### FICHEROS

Los usuarios pueden subir a su sistema ficheros de varias índoles distintas (documentos de texto, pdf, imágenes, archivos con código velocity, etc.). Normalmente son cualquier tipo de archivo que pueda ser utilizado en una página HTML. También se ofrece la posibilidad de subir archivos a través de una conexión webdav para su creación, borrado o modificación. Esta utilidad es muy importante si se necesitan subir constantemente ya que a través del ordenador esta tarea se realiza de manera más rápida y fácil.

#### 5.4.3 Interfaces.

Para la gestión de contenidos del sitio web, dotCMS utiliza dos interfaces y servicios muy distintos, cada una orientada a un propósito diferente: una para la administración (*back-end*) y otra para mostrar la versión del portal dirigida al usuario final (*front-end*). En esta interfaz los usuarios pueden interactuar directamente con el portal, quedando el back-end oculto, sin que los usuarios se den cuenta de su existencia. La interfaz de

administración o back-end ofrece todo el soporte a los servicios del front-end puesto que está en contacto con todos los recursos de la web y es capaz de gestionar las peticiones de recursos. Si lo comparamos con el modelo cliente-servidor, podríamos decir que el front-end es similar al cliente y el back-end correspondería con el servidor.

#### 5.4.3.1 Gestión de contenidos

En la interfaz de administración las funcionalidades están organizadas a través de un menú desplegable.

- **Home:** recoge los flujos de trabajo de los diferentes elementos que han sido modificados y muestra un monitor de análisis estadísticos del uso de la web.
- **Permissions:** desde aquí se accede a la gestión de permisos y a los usuarios.
- **Website Editor:** Muestra el mapa de directorios de sitio web.
- **Website:** permite acceder a los principales elementos que rigen la organización del sitio web: Website Browser (explorador jerárquico de los elementos), páginas HTML, enlaces, plantillas, contenedores y vanity URLs (opción para personalizar el nombre de una URL)
- **Content:** Ofrece la opción de gestionar todos los contenidos que se encuentran en el repositorio, estén o no publicados.
- **Structures:** Este es el espacio reservado para gestionar las estructuras necesarias en nuestro sitio web.
- **Calendar:** Ofrece una vista del calendario con la posibilidad de gestionar los eventos, tareas y cualquier otra actividad que se quiera almacenar en él.
- **Email:** Permite configurar el envío de emails y crear campañas.
- **CMS Admin:** Este espacio abarca todas las herramientas de administración del CMS, a continuación se explican las más importantes:
  - *Host:* Recoge todos los sitios webs que debe de gestionar el CMS. Como se comentó anteriormente es posible tener más de un Host distinto al mismo tiempo.
  - *Users:* Permite gestionar los usuarios, darlos de alta, eliminar o editar los datos personales. Desde aquí también es posible asignar roles y permisos individuales para cada uno de los usuarios.
  - *Roles, Tabs & Tools:* Permite crear y gestionar los roles, asignando permisos y personalizando las opciones que tendrán disponibles en la interfaz de administración.
  - *Language Variables:* Esta opción es imprescindible para la correcta internacionalización del sitio web. Desde aquí se añaden los posibles idiomas a los que dará servicio y sus traducciones dependiendo del idioma en el que esté navegando el usuario.
  - *CMS Maintenance:* Posibilita el mantenimiento del CMS mediante herramientas para copias de respaldo, reconstrucción de índices, etc.
  - *Query Test Tool:* Es una funcionalidad útil para comprobar el resultado de una query creada y verificar que lo que obtenemos es lo que esperamos.
  - *Site Search:* Buscador de contenidos.

- *Tag Manager*: Ayuda a gestionar las etiquetas que estarán disponibles al crear nuevos contenidos.

#### 5.4.4 Sistemas de autenticación

Al disponer de dos interfaces distintas (back-end y front-end) dotCMS da servicio a dos sistemas de autenticación distintos.

Por una parte tenemos el acceso para los usuarios que visitan la página a través del front-end y por otra está la autenticación para los usuarios con permisos de administración a través del back-end. En esta parte es necesario que un usuario tenga asignado un rol con permisos para ver al menos una de las funcionalidades disponibles en el back-end. En caso contrario no es posible acceder.

La estructura de permisos de dotCMS está basada en tres elementos distintos: los usuarios, los permisos y los roles.

Los roles son una agrupación de permisos y funcionalidades accesibles desde el back-end. Los roles agilizan el proceso de asignar la misma configuración a usuarios distintos. Por ejemplo, para un usuario editor es necesario que pueda editar y crear contenido pero no publicarlo. Al crear un rol con estas características es más sencillo asignarlo después a todos los usuarios que queramos que sean editores en vez de configurar los permisos individualmente.

Gracias a esto es posible definir una jerarquía de roles donde los hijos hereden los roles de los padres, de esta manera, por ejemplo, para definir un usuario publicador solo haría falta heredar los permisos del editor y añadirle permisos de publicación. Los usuarios también pueden tener tantos roles como necesiten.

Más adelante se detallan más específicamente los roles utilizados en el sitio web de GemBiosoft.

Los permisos se pueden configurar según el elemento al que hace referencia y las acciones que se pueden tomar frente a él.

Entre los elementos que es posible personalizar los permisos se encuentran las carpetas, contenedores, plantillas, páginas HTML, enlaces, archivos, contenido, estructuras y categorías. Para cada uno de estos elementos es posible definir las acciones a tomar entre estas: ver, editar, publicar y editar permisos.

### 5.5 Diseño e implementación del portal GemBiosoft

El portal de la compañía GemBiosoft se desarrolló a partir del análisis realizado sobre dos portales de genómica personalizada: 23andMe y deCODEme. Al terminar el análisis de ambos portales se obtuvieron tanto carencias como ventajas las cuales ayudaron a realizar un portal genómico de calidad.



### 5.5.1 Misión

Este portal tiene como misión ofrecer soluciones en la gestión de información genómica.

Hoy en día existe una gran cantidad de datos disponibles en la red sobre la genómica y la e-Salud pero no es posible encontrarlos de manera homogénea.

Gracias a las investigaciones de empresas enfocadas en la genómica se han obtenido y contrastado mucha información sobre los conceptos básicos y el funcionamiento de nuestro cuerpo con respecto a la genómica, pero aún a día de hoy es un ámbito al cual le queda mucho por explorar y descubrir.

Es por ello que resulta difícil encontrar un portal con información contrastada sobre la genómica. Este hecho hace que existan muchas incoherencias entre varios portales de bases de datos de genómica, debido a sus propios descubrimientos los cuales almacenan su propia información de genómica creando ambigüedades con la información con respecto al resto de portales.

Es por ello que resulta esencial encontrar una solución a esta problemática.

El objetivo de desarrollo de este portal web es sin duda definir una arquitectura tecnológica de alta mantenibilidad e integrable para dar cabida a una aplicación web en la cual se pueda explotar toda la información homogénea de la que disponen y soportar servicios online relacionados con la genómica.

### 5.5.2 Diseño e implementación del portal

Como herramienta de desarrollo para el portal de GemBiosoft se ha elegido el sistema de gestión de contenidos dotCMS. En este apartado se explica cómo ha sido desarrollado y sus características.

#### 5.5.2.1 Mapa de Usuarios

Es necesaria una gran variedad de tipos de usuarios para dar cabida a las necesidades del portal. A continuación se detalla el mapa de los usuarios que serán explicados más extensamente a continuación.

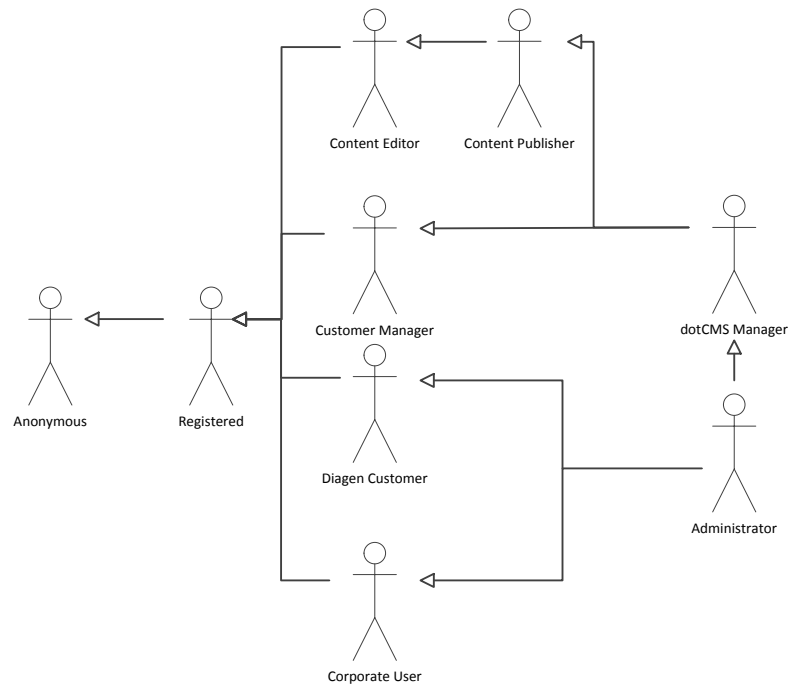


Figura 33 Mapa de Usuarios de GemBiosoft

Al tratarse de un portal que ofrece servicios se hace necesaria la introducción de una intranet para restringir el acceso a usuarios no autorizados. Esto es posible a través de un sistema de login en el cual el usuario debe de introducir su nombre y contraseña. Dependiendo del tipo de usuario registrado del que se trate, la información de la página web también se adapta a sus necesidades. Esto es debido a que existe una jerarquía de grados de privacidad configurable para cada uno de ellos, no es lo mismo un usuario que ha contratado un servicio con GemBiosoft y requiere de acceso a la aplicación, que un usuario accionista que necesita tener acceso a información privada de la empresa.

Los diferentes tipos de roles que disponen GemBiosoft son los siguientes:

- **Administrador:** es el súper usuario del sistema. El administrador tiene acceso a todas y cada una de las funcionalidades del sistema y puede configurar la interfaz del portal sin ninguna restricción.
- **CMS Anonymous:** este rol hace referencia a cualquier usuario que visite el sitio web sin iniciar sesión. Es necesario para configurar que será mostrado y que no en la parte pública.
- **Corporate Intranet:** GemBiosoft dispone de un espacio privado para que los socios corporativos de la empresa puedan consultar noticias y documentos privados. El rol *Corporate Intranet* permite restringir el acceso al resto de usuarios que no sean accionistas.
- **Customer Diagen:** representan los clientes de GemBiosoft que poseen privilegios para utilizar la herramienta de Diagen.

- **DotCMS Manager:** recoge todos los roles que pueden modificar de cierta manera el sitio web. Este rol está dividido en otros sub-roles detallados a continuación:
  - **Content Publisher:** Son los usuarios con privilegios de creación, edición y borrado de contenidos.
  - **Content Editor:** Se diferencian del content Publisher por que los usuarios editores no tienen derechos de publicación aunque sí de gestión. Para que los cambios de un editor sean publicados es condición indispensable que un usuario Content Publisher lo acepte.
  - **Customer Manager:** los usuarios con estos roles tienen privilegios para gestionar el resto de los usuarios exceptuando al administrador. Ya sea bien para modificar sus datos personales, los privilegios individuales o roles asignados.

### 5.5.2.2 Navegación

Para representar la organización de la página hemos utilizado un mapa de Interacción. En ella se puede observar la estructura interna de nuestro portal:

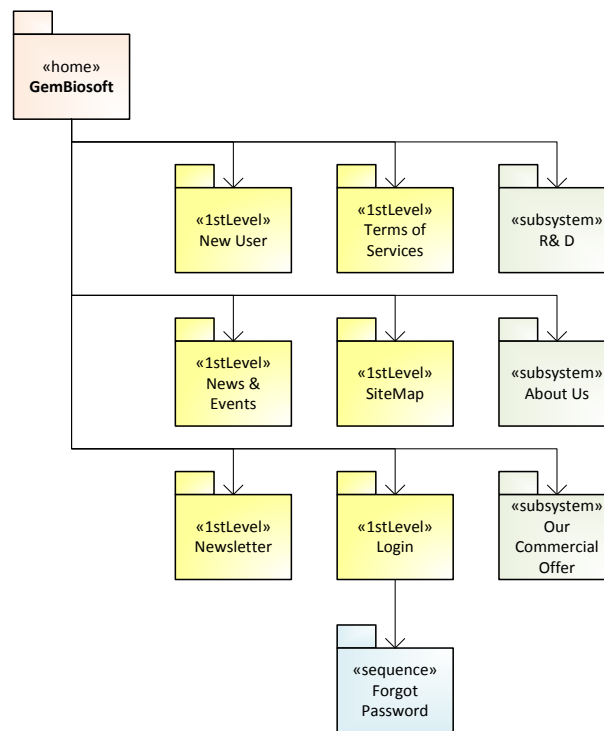


Figura 1 Mapa de Interacción de GemBiosoft

Este mapa muestra la vista global del sistema con sus principales secciones. Está compuesta por 3 subsistemas: *Our Commercial Offer* (dedicada a los servicios que se pueden contratar) *R&D* (encapsula las investigaciones que se están realizando ofreciendo acceso a sus publicaciones y proyectos) y *About Us* (informa de la misión de la compañía, historia y equipo que lo forma).

También dispone de una sección de noticias y eventos relacionados con GemBiosoft, un contexto donde permite iniciar sesión y crear un nuevo usuario, y un pie de página compuesto por accesos a las redes sociales (Twitter, LinkedIn, Facebook) junto con los términos de uso de los servicios y un mapa del sitio.

### 5.5.2.3 Contenidos

La administración del portal de GemBiosoft se realiza a través del CMS dotCMS. Todos los contenidos de la web se administran a través de este portal. DotCMS organiza los contenidos a través de un sistema de estructuras. En estas estructuras se definen y detallan sus atributos y las peculiaridades que tendrán los contenidos que se creen con ellas. También es posible crear relaciones entre estructuras con la finalidad de crear asociaciones y dependencias entre ellas.

### 5.5.2.4 Estructuras del portal GemBiosoft.

Existen dos estructuras básicas para desarrollar un portal web: las páginas web y los archivos. DotCMS viene con estas dos estructuras definidas de base.

La estructura que le da forma a la página se denomina *Web Page Content*. Estos tipos de estructuras tienen definidos una serie de atributos obligatorios: título, Host, cuerpo de la página y nombre de la URL.

Los ficheros están definidos por la estructura File con una estructura en la que se debe especificar su formato, dirección en el repositorio, carpeta donde se almacenará. Opcionalmente se puede añadir un título y una descripción.

Para adaptar dotCMS y dar soporte a los servicios que ofrece este portal, se hizo necesario añadir nuevas estructuras al CMS:

- Gem News & Events
- Publication
- Diagen Customer
- Diagen Kits

#### 5.5.2.4.1 Gem News & Events

DotCMS dispone de dos elementos prediseñados denominados *Event* y *News Item*, estas estructuras no contenían exactamente los campos que queríamos mostrar y tampoco era posible adaptarlas a nuestras necesidades puesto que requeríamos de campos más avanzados que los que disponía. Por ese motivo se creó una estructura nueva que nos permitiera personalizarla a nuestro parecer.

“Gem News & Events” se compone de los siguientes atributos:

Campo	Descripción	Tipo	Obligatorio
<b>Identity</b>	Identificador único	String	Si
<b>Content Type</b>	Tipo de contenido.	Content	Si
<b>Language</b>	Idioma del contenido	String	Si
<b>Headline</b>	Título de la noticia o evento	String	Si
<b>Date of Publication</b>	Fecha de publicación de la noticia en la web	Date	No
<b>Date of Expiration</b>	Fecha a partir de la cual dejará de publicarse la noticia en la web.	Date	Si
<b>Body</b>	Cuerpo de la noticia o evento. Es posible insertar imágenes y otros contenidos multimedia aparte de darle formato al texto.	String	Si
<b>Summary</b>	Breve resumen o introducción	String	Si
<b>Category</b>	Sirve para categorizar el contenido. Dependiendo de la categoría especificada los usuarios pueden tener o no privilegios para acceder a ella.	Category	Si
<b>URL Title</b>	Url semántica para acceder al contenido.	String	Si

Tabla 13 Atributos de la estructura Gem News & Events

Identificador:

Tipo de Contenido:

Lenguaje:

♦ Headline:

♦ Date:

♦ Expired On:

♦ Body: 

advanced.styl advanced.blog advanced.fon advanced.fon

Del 19 al 21 de Septiembre GemBiosoft presentará DiaGenSoft Plus en BioSpain 2012.

advanced.path:

Variables de Lenguajes:

Summary:

URL:

♦ Type: [Clic aquí para seleccionar Categorías](#)

✖ News Type

Url Title:

Average Rating:

Number Of Votes:

Figura 2 Creación de un Contenido de tipo Gem New & Events

De esta manera, una vez añadida la información requerida la imagen tendrá esta apariencia para el público.



Figura 3 Apariencia del contenido Gem News & Events

#### 5.5.2.4.2 Publication

Al tratarse de una web de genómica personalizada con perfil investigador, es frecuente que aparezcan nuevas publicaciones relacionadas con las investigaciones que está realizando el equipo de GemBiosoft. Por este motivo se hizo necesaria la creación de una nueva estructura que se adaptara a este tipo de contenido.

<b>Campo</b>	<b>Descripción</b>	<b>Tipo</b>	<b>Obligatorio</b>
<b>Identificador</b>	Identificador único	<i>String</i>	<i>Si</i>
<b>Content Type</b>	Tipo de contenido.	<i>Content</i>	<i>Si</i>
<b>Language</b>	Idioma del contenido	<i>String</i>	<i>Si</i>
<b>Title</b>	Título de la publicación	<i>String</i>	<i>Si</i>
<b>Active</b>	Especifica si es mostrado en la web o no	<i>Boolean</i>	<i>Si</i>
<b>Authors</b>	Autores de la publicación	<i>String</i>	<i>Si</i>
<b>Year</b>	Año de publicación	<i>Date</i>	<i>Si</i>
<b>Reference</b>	Referencias bibliográficas	<i>String</i>	<i>Si</i>
<b>Abstract</b>	Resumen de la publicación	<i>String</i>	<i>No</i>
<b>Document</b>	Documento pdf de la publicación	<i>File</i>	<i>No</i>
<b>Show Document</b>	Especifica si el documento estará disponible o no.	<i>Boolean</i>	<i>Si</i>
<b>Category</b>	Categoría para poder clasificarla	<i>Category</i>	<i>Si</i>

Tabla 14 Atributos de la estructura Publication

Figura 4 Creación de un contenido de tipo Publication

Las publicaciones se muestran en forma de listado donde aparece el título, autor, año y referencias de la publicación. El título está configurado como un enlace al documento para poder tener acceso a él. En caso de no disponer del documento, este enlace no estará disponible.

Figura 5 Apariencia de un contenido de tipo Publication

#### 5.5.2.4.3 Diagen Kits

La aplicación Diagen es un software que incorpora el portal de GemBioSoft para analizar secuencias genómicas individuales. Para que un usuario tenga privilegios de utilizar este servicio debe de cumplir varios requisitos:

- Tener una cuenta de usuario en el dotCMS del portal GemBioSoft.com
- Tener asignado a la cuenta al menos un Kit
- Tener usos disponibles en el Kit

Los Kits de Diagen son contenidos que especifican el número de usos que un usuario puede hacer del Software Diagen. Estos Kit llevan asociados un usuario, la fecha de activación y el número de usos disponibles.

De esta manera es posible controlar el acceso al Software a usuarios que no hayan adquirido un Kit o, aunque lo hayan adquirido, no les queden usos o estos hayan expirado.

Update date	Available from-to	Uses (assigned+old-consumed)	Uses log
2012-08-10	[2012-08-04 - 2012-12-31]	[100] (100+0-0)	

Figura 6 Creación de un contenido de tipo Diagen Kits

Campo	Descripción	Tipo	Obligatorio
<b>Identificador</b>	Identificador único del kit	String	Si
<b>Content Type</b>	Tipo de contenido.	Content	Si
<b>Language</b>	Idioma del contenido	String	Si
<b>Kit id</b>	Código del Kit para poder activarlo	String	Si
<b>Blocked</b>	Permite bloquear los usos de un usuario.	Boolean	Si
<b>Creation Date</b>	Fecha de creación	Date	Si
<b>Associated User</b>	Usuario al que está asociado el contenido	User	No
<b>User Activation Date</b>	Fecha de activación del Kit	Date	No
<b>UserManagement</b>	Herramienta para gestionar los usos que ha hecho el usuario del software.	Application	Si

Tabla 15 Atributos de la estructura Diagen Kits



## 5.6 Adaptación de GemBiosoft a las características de los portales genómicos

Como hemos definido en el capítulo 3 de este trabajo, los portales genómicos se identifican por las siguientes características:

- Contenidos relacionados con la genética
- Gestión de grandes cantidades de datos.
- Sistema de información flexible ante cambios
- Privacidad de datos.
- Generación de reportes enfocados al usuario final
- Soporte de comercio electrónico
- Búsquedas personalizables
- Notificaciones automáticas
- Foros de comunicación científica.
- Noticias sobre genética.
- Tutoriales y formación
- Seguridad mediante SSL

GemBiosoft está construido sobre una tecnología base que es java. Para la buena gestión de contenidos se ha utilizado el sistema de gestión de contenidos dotCMS, esto nos garantiza una buena fiabilidad e interoperabilidad a la hora de gestionar la información que tenemos almacenada. Para dar soporte a los datos, se ha elegido PostgreSQL como base de datos del portal por tener un gran soporte y mantenimiento y disponer de licencia GPL que nos posibilita un soporte comercial.

En cuanto a la privacidad de datos existen dos sistemas de registro diferenciados como se ha explicado anteriormente, por una parte está la autenticación para acceder a la interfaz de administrador y por otra la autenticación para acceder al espacio privado de los usuarios. Dependiendo del rol del usuario también están restringidos los contenidos a los que puede acceder, añadiendo más seguridad al portal.

Para la utilización del Software de Diagen se ha habilitado un tutorial disponible para la consulta de cualquier tipo de usuario. Este tutorial explica el modo de utilización del software y como la información será mostrada. Por otra parte, uno de los proyectos aun por desarrollar es crear un espacio donde se puedan recopilar todos los SNPs e informar de sus características y enfermedades con las que se relacionan (wiki genómico)

En cuanto a los foros, el portal de GemBiosoft aún no da soporte a esta característica. El motivo es porque es un portal que se ha lanzado recientemente y no dispone de suficientes usuarios como para poder sacar provecho de la comunidad. Sin embargo, también es una funcionalidad que está pendiente de desarrollarse en el futuro.

El apartado de Noticias que dispone la web muestra tanto noticias relacionadas con la genómica como relacionadas con los logros de la compañía.

La funcionalidad que aún le falta a GemBiosoft por cumplir es la utilización del protocolo SSL para proporcionar seguridad en las comunicaciones por internet.

Como podemos ver, el portal cumple con la mayoría de las características que debe de cumplir un portal de genómica personalizada. Como es un sitio web de reciente lanzamiento, funcionalidades como el foro o el wiki genómico <sup>20</sup>aún están por desarrollar. Sin embargo, debería de priorizar la incorporación del protocolo de seguridad SSL para añadir una mayor seguridad al portal.

---

<sup>20</sup> Enciclopedia con términos del campo genético que incluya únicamente información demostrada y justificada relativa al genoma humano.

## Capítulo 6

# Conclusiones

En esta tesis de máster se ha realizado un análisis del método de desarrollo de código dirigido por modelos, OOWS 2.0 aplicándolo a una web de genómica personalizada (deCODEme)

La finalidad de este análisis ha sido doble:

- En el caso del método de OOWS 2.0: Comprobar hasta qué punto este método de ingeniería web soporta los portales de genómica actuales. Detectar y proponer mejoras al método con el propósito de mejorar la adaptabilidad a las webs existentes hoy en día.
- En el caso de los portales de genómica: Detectar los puntos débiles y fuertes que aparecen en estos portales con el propósito de crear un portal genómico de calidad.

Para llevar a cabo este análisis se efectuó un proceso de ingeniería inversa aplicando directamente el método OOWS 2.0 al portal de deCODEme. Durante el proceso se obtuvo información interesante sobre la expresividad del modelo y las características de los portales genómicos.

Se propusieron varias modificaciones en el método OOWS 2.0 creando dos patrones nuevos (Filtros Avanzados y Navegación Condicional) y modificando el mapa de interacción para dar soporte a multi-niveles. Con ello se consiguió aumentar la adaptabilidad del método aplicado a portales genómicos en un 14%.

En cuanto al portal genómico, se listaron todas las deficiencias y virtudes que fueron encontradas a lo largo del análisis de los portales de genómica. Después de seleccionar la tecnología a utilizar para su implementación, se desarrolló el portal genómico teniendo en cuenta las características detectadas en el análisis.

## 6.1 Publicaciones

Los resultados de esta tesis de máster se han publicado en la conferencia internacional CIBSE (XV Congreso Iberoamericano en Software Engineering) celebrado en Buenos Aires, Argentina, en Enero del 2011

*A.R. Guzmán, V. López, F. Valverde and J.I. Panach: Web 2.0 Patterns: A Model-Driven Engineering Approach. Ibero-American Conference on Software Engineering (CIBSE), 2012, Buenos Aires (Argentina)*

Al mismo tiempo se ha participado en un poster para la conferencia de RCIS, celebrada en Mayo del 2012 en Valencia.

*Ana Rosa Guzman, Victoria Lopez, Francisco Valverde, José Ignacio Panach: Web 2.0 patterns: A model-driven engineering approach . Interantional Conference on Research Challenges in Information Science.(RCIS), 2012, Valencia, (España)*

## 6.2 Líneas Futuras

Como trabajo futuro, se pretende seguir perfeccionando el método OOWS 2.0 continuando con su proceso de validación para que de soporte a un mayor número de desarrollos web. En concreto las tareas futuras a abordar son:

- Analizar las modificaciones propuestas en este trabajo para verificar su correcto funcionamiento.
- Implementar una herramienta que de soporte al método para facilitar las tareas de modelado y reforzar su eficiencia.
- Implementación de un compilador de modelos que soporte completamente el proceso de generación de código.

Como segunda línea de actuación se pretende continuar con el proyecto de GemBiosoft. En concreto se tienen que abordar los siguientes puntos:

- Crear un espacio donde aparezca recopilados todos los SNPs descubiertos, incluyendo sus características, nuevas investigaciones y enfermedades con las que se relacionan.
- Dotar de un foro donde los usuarios registrados puedan intercambiar opiniones acerca de sus análisis genómicos.
- Lanzar una aplicación móvil donde los usuarios podrán acceder a los resultados de la secuenciación de su ADN.

## Capítulo 7

# Referencias

- [1] **C. P. Chandrasekhar and J. Ghosh**, "Information and communication technologies and health in low income countries: the potential and the constraints," *WORLD HEALTH ORGANIZATION*, vol. 79, no. 9, pp. 850-855, 2001.
- [2] **X. Busquets and A. Agustí**, "Chip genético (ADN array): el futuro ya está aquí," *Arch Bronconeumol*. 2001;37:394-6, Palma de Mallorca, 2007.
- [3] **F. Martín Sánchez**, "Genoma, bioinformática y comercio electrónico (e-genética). Impactos en salud," *Quark: Ciencia, medicina, comunicación y cultura*, págs. 56-62, 2000.
- [4] **U.S. Department of Energy Genome Program**, "Human Genome projecto Information," 19 Septiembre 2008. [Online]. Available: [http://www.ornl.gov/sci/techresources/Human\\_Genome/faq/snps.shtml](http://www.ornl.gov/sci/techresources/Human_Genome/faq/snps.shtml).
- [5] **J. Mylopoulos**, "Information modeling in the time of the revolution," *Pergamon Press*, vol. 23, no. 3/4, pp. 127-156, 1998.
- [6] **F. Valverde**, "OOWS 2.0: Un método de Ingeniería Web Dirigido por Modelos para la producción de aplicaciones WEB 2.0," Departamento de Sistemas Informáticos y Computación, Universidad Politécnica de Valencia, 2010.
- [7] **A. R. Guzmán**, "Ingeniería Web Dirigida por Modelos en portales de genómica personal: Análisis de 23andme con OOWS 2.0," Departamento de Sistemas Informáticos y Computación, Valencia, 2012.
- [8] **J. Fons, O. Pastor, P. Valderas and M. Ruiz**, "OOWS: Un Método de Producción de Software em Ambientes Web," F. J. García, *Avances em Comercio Electrónico*, p. 121-136, Departamento de Informática y Automática de la Universidad de

Salamanca, 2002.

- [9] **O. Pastor, E. Insfrán, V. Pelechano, J. Romero and J. Merseguer**, "OO-Method: An OO Software Production Environment Combining Conventional and Formal Methods," in *9th Conference on Advanced Information Systems Engineering (CAiSE'97)*, Barcelona, Spain:, 1997.
- [10] **O. Pastor, J. Gomez, E. Insfran and V. Pelechano**, *Conceptual modelling of web applications: the OOWS approach*, Heidelberg, Berlin : Springer , 2006.
- [11] **L. Feito Grande**, *El sueño de lo posible: bioética y terapia génica.*, Madrid: Universidad Pontificia Comillas, pag. 53, 1999.
- [12] **N. Blow**, "Genomics: The personal side of genomics," *Nature*, vol. 449, pp. 627-630, 2007.
- [13] **N. Wade**, "Genome of DNA Discoverer Is Deciphered," *New York Times*, 2007.
- [14] **D. Gurwitz and Y. Bregman-Eschet**, "Personal genomics services: whose genomes?," *Eur J Hum Genet.*, p. 883-889, 2009 .
- [15] **K. Wetterstrand**, "DNA Sequencing Costs: Data from the NHGRI," *National Human Genome Research Institute*, 2012.
- [16] **E. S. Lander**, "Initial sequencing and analysis of the human genome," *Nature*, no. 409, p. 860-921, 2001.
- [17] **SNPedia**, "SNPedia," 11 2011. [Online]. Available: [www.snpedia.com/index.php?title=DeCODEme](http://www.snpedia.com/index.php?title=DeCODEme).
- [18] **Illumina DNA Analysis**, "JHU SNP Center," ILLUMINA. [Online]. Available: [snpcenter.grcf.jhmi.edu/downloads/Human1M\\_DataSheet.pdf](http://snpcenter.grcf.jhmi.edu/downloads/Human1M_DataSheet.pdf).
- [19] **J. N. Mazón, E. Ortega and J. Trujillo**, "Ingeniería inversa dirigida por modelos para el diseño de almacenes de datos," in *JISBD*, Thomson Editorial, 2007, pp. 63-72.
- [20] **S. McKeever**, *Understanding Web content management systems: evolution, lifecycle and market*, MCB UP Ltd, 2003, pp. 686 - 692.
- [21] **J. Roberston**, "So, what is a content management system?," *KM Column*, 2003.
- [22] **MIT, ERCIM, Keio**, "World Wide Web Consortium," 2012 . [Online]. Available: 2012 .
- [23] **M. M. Boukar**, "Content Management System (CMS) Evaluation and Analysis," *Journal of Technical Science and Technologies*, vol. 1, no. 1, pp. 49-57, 2011.

- [24] **CMS Matrix**, "The CMS Matrix," [Online]. Available: <http://www.cmsmatrix.org/matrix>.
- [25] **Indeed**, "Indeed.com," 2012. [Online]. Available: <http://www.indeed.com/jobtrends>
- [26] **Oracle**, "Oracle," 2010. [Online]. Available: <http://www.oracle.com/> [Accessed 15 Agosto 2012].

# Anexos

## A1. Glosario Bioinformático.

- **ADN (ácido desoxirribonucleico):** Molécula que contiene la información necesaria para poder controlar el metabolismo un ser vivo.
- **ADN complementario:** Una de las dos cadenas antiparalelas del ADN.
- **Chips De Secuenciación Genética:** Superficie sólida a la cual se une una colección de fragmentos de ADN con la finalidad de detectar SNPs.
- **Código Genético:** Conjunto de normas que transforman en proteínas la información codificada en las secuencias de ADN en las células vivas.
- **Diagnóstico Genético:** Análisis que permite conocer la base genética de una enfermedad hereditaria.
- **E-Genética:** aplicación del paradigma Internet a las nuevas tecnologías genómicas diseñadas para la obtención, gestión y análisis de información genética de utilidad en salud.
- **E-Salud:** la práctica de la Sanidad apoyada en las TICs o tecnologías de la información y las comunicaciones
- **Fenotipo:** manifestación visible del genotipo en un determinado ambiente.
- **Gen:** Unidad hereditaria que controla cada carácter en los seres vivos. A nivel molecular corresponde a una sección de ADN.
- **Genética:** campo de la biología que busca comprender la herencia biológica que se transmite de generación en generación.
- **Genómica Personalizada:** Disciplina que permite estudiar la información genética de un individuo particular
- **Genotipo:** .Es el conjunto de genes que contiene un organismo heredado de sus progenitores.
- **Megabase:** 1 millón de pares de bases de la cadena de ADN.
- **Mutación:** alteración en la información genética (genotipo) de un ser vivo que provoca la aparición de una enfermedad genética.



- **Nucleótido:** Moléculas que unidas entre sí, forman la estructura del ADN. Cada nucleótido contiene una base, que puede ser adenina(A), guanina (G), citosina (C) o timina (T).
- **Pares De Bases:** Se denomina a dos nucleótidos opuestos y complementarios en las cadenas de ADN.
- **Polimorfismo:** Existencia en una población de múltiples alelos de un gen. Es decir, un polimorfismo es una variación en la secuencia de un lugar determinado del ADN entre los individuos de una población.
- **Recombinación Genética:** Proceso que lleva a la obtención de un nuevo genotipo a través del intercambio de material genético entre secuencias homólogas de DNA de dos orígenes diferentes.
- **Riesgo Genético:** Probabilidad de que una persona herede de su padre alguna enfermedad de origen genético
- **Kit Recolector De ADN:** Material e información necesarios para recoger las muestras del ADN personalmente.
- **SNP:** Variación de un sólo nucleótido entre genomas de individuos de la misma especie.
- **Secuencia De Referencia:** Sucesión de nucleótidos que representa la secuencia original de nucleótidos de todos los individuos de una especie.
- **Secuencia Genética:** Secuencia lineal de todos los nucleótidos del gen.
- **Secuencia Genómica:** Secuencia lineal de todos los nucleótidos del genoma.
- **Secuenciación Genómica:** Métodos y técnicas bioquímicas utilizadas para obtener el genotipo de un individuo a partir de una muestra de ADN.
- **Variación:** Mutación de un nucleótido en la secuencia genética o genómica de un individuo con respecto a la secuencia de referencia.

## A2. Comparación de CMS actuales.

	OpenCms	Alfresco	Magnolia CMS	Apache Lenya	dotCMS	Hippo CMS
Last Updated	8/23/2011	2/20/2008	8/31/2011	7/12/2009	7/23/2012	7/21/2010
Version	8.0.2		4.4.4.	1.2.3	2.1	7.3
Application Server	J2EE	J2EE	J2EE	Other	J2EE	J2EE
Database	Oracle	Other	Other	Other	Other	MySQL
Programming Language	Java	Java	Java	Java	Java	Java
Root Access	No	No	No	Yes	No	Yes
Shell Access	No	No	Yes	Yes	Yes	Yes
<b>Security</b>	OpenCms	Alfresco	Magnolia CMS	Apache Lenya	dotCMS	Hippo CMS
Audit Trail	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Captcha	Yes	No	Yes	No	Yes	Yes
Content Approval	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Email Verification	No	No	Yes	No	Yes	Yes
Granular Privileges	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Kerberos Authentication	No	Yes	Yes	No	Costs Extra	Yes
LDAP Authentication	Costs Extra	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Login History	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
NIS Authentication	No	No	Yes	No	Costs Extra	Yes
NTLM Authentication	No	Yes	Yes	Yes	Costs Extra	Yes
Pluggable Authentication	Costs Extra	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Problem Notification	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Sandbox	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Session Management	Yes	Limited	Yes	Yes	Yes	Yes
SMB Authentication	No	Yes	Costs Extra	Yes	Yes	Yes
SSL Compatible	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
SSL Logins	Yes	Limited	Yes	Yes	Yes	Yes
SSL Pages	Yes	No	Yes	Yes	Yes	Yes
Versioning	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
<b>Support</b>	OpenCms	Alfresco	Magnolia CMS	Apache Lenya	dotCMS	Hippo CMS
Certification Program	Limited	Yes	Yes	No	Yes	Yes
Code Skeletons	Yes	Yes	Yes	No	Yes	Yes
Commercial Manuals	Yes	Yes	Yes	No	Yes	Yes
Commercial Support	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Commercial Training	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Developer Community	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Online Help	Yes	Yes	No	Yes	Yes	Yes
Pluggable API	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Professional Hosting	Limited	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Professional Services	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Public Forum	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Public Mailing List	Yes	No	Yes	Yes	Yes	Yes
Test Framework	Yes	Yes	Yes	No	Yes	Yes
Third-Party Developers	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Users Conference	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes

	OpenCms	Alfresco	Magnolia CMS	Apache Lenya	dotCMS	Hippo CMS
<b>Ease of Use</b>	OpenCms	Alfresco	Magnolia CMS	Apache Lenya	dotCMS	Hippo CMS
Drag-N-Drop Content	Limited	Limited	Yes	No	Yes	Yes
Email To Discussion	No	Yes	Yes	No	Yes	Yes
Friendly URLs	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Image Resizing	Yes	Yes	Yes	No	Yes	Yes
Macro Language	No	Yes	Yes	No	Yes	No
Mass Upload	Yes	Yes	Yes	No	Yes	Yes
Prototyping	No	Yes	Yes	No	Yes	Yes
Server Page Language	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Site Setup Wizard	No	Limited	Yes	No	Yes	Yes
Spell Checker	Free Add On	Free Add On	Free Add On	No	Yes	Yes
Style Wizard	Free Add On	No	Yes	No	Costs Extra	Yes
Subscriptions	Free Add On	No	Yes	No	Yes	Yes
Template Language	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
UI Levels	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Undo	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
WYSIWYG Editor	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Zip Archives	Limited	Yes	Yes	No	Yes	No
<b>Performance</b>	OpenCms	Alfresco	Magnolia CMS	Apache Lenya	dotCMS	Hippo CMS
Advanced Caching	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Database Replication	Costs Extra	Yes	Yes	No	Yes	Yes
Load Balancing	Costs Extra	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Page Caching	Yes	Limited	Yes	Yes	Yes	Yes
Static Content Export	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
<b>Management</b>	OpenCms	Alfresco	Magnolia CMS	Apache Lenya	dotCMS	Hippo CMS
Advertising Management	No	No	No	No	Yes	Free Add On
Asset Management	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Clipboard	No	Yes	Yes	Yes	Yes	No
Content Scheduling	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Content Staging	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Inline Administration	Yes	No	Yes	Yes	Yes	Yes
Online Administration	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Package Deployment	Limited	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Sub-sites / Roots	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Themes / Skins	No	Yes	Yes	No	Yes	Yes
Trash	Yes	Yes	No	Yes	Yes	Yes
Web Statistics	No	No	Free Add On	Yes	Yes	Free Add On
Web-based Style/Template Management	Yes	Yes	Yes	No	Yes	Yes
Web-based Translation Management	Limited	Yes	Yes	No	Yes	Yes
Workflow Engine	Free Add On	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
<b>Interoperability</b>	OpenCms	Alfresco	Magnolia	Apache	dotCMS	Hippo CMS

	OpenCms	Alfresco	Magnolia CMS	Apache Lenya	dotCMS	Hippo CMS
Content Syndication (RSS)	Free Add On	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
FTP Support	No	Yes	Yes	No	Costs Extra	No
iCal	No	No	Limited	No	Yes	Yes
UTF-8 Support	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
WAI Compliant	Limited	Yes	Yes	No	Costs Extra	Yes
WebDAV Support	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
XHTML Compliant	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
<b>Flexibility</b>	OpenCms	Alfresco	Magnolia CMS	Apache Lenya	dotCMS	Hippo CMS
CGI-mode Support	No	No	Yes	No	No	No
Content Reuse	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Extensible User Profiles	Yes	Yes	Yes	No	Yes	Yes
Interface Localization	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Metadata	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Multi-lingual Content	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Multi-lingual Content Integration	Yes	Yes	Yes	No	Yes	Yes
Multi-Site Deployment	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
URL Rewriting	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
<b>Built-in Applications</b>	OpenCms	Alfresco	Magnolia CMS	Apache Lenya	dotCMS	Hippo CMS
Blog	No	No	No	Yes	Yes	Yes
Chat	No	No	No	No	Costs Extra	Yes
Classifieds	No	No	No	No	Yes	Yes
Contact Management	No	No	Yes	No	Yes	Free Add On
Data Entry	No	No	Yes	No	Yes	Yes
Database Reports	Costs Extra	No	No	No	Yes	Free Add On
Discussion / Forum	No	Yes	Yes	No	Costs Extra	Yes
Document Management	No	Yes	Yes	No	Yes	No
Events Calendar	Free Add On	Yes	Yes	No	Yes	Yes
Events Management	Yes	No	Costs Extra	No	Yes	Yes
Expense Reports	No	No	No	No	Costs Extra	No
FAQ Management	Free Add On	Yes	Yes	No	Yes	Yes
File Distribution	Free Add On	Yes	Yes	No	Yes	Yes
Graphs and Charts	No	No	No	No	Yes	No
Groupware	No	Yes	No	No	Yes	No
Guest Book	No	No	Free Add On	No	Yes	Yes
Help Desk / Bug Reporting	No	No	No	No	Costs Extra	Yes
HTTP Proxy	No	No	Limited	Yes	Yes	Yes
In/Out Board	No	No	No	No	Costs Extra	No
Job Postings	Costs Extra	No	Limited	No	Yes	Yes
Link Management	Yes	Yes	Yes	No	Yes	Yes
Mail Form	Yes	No	Yes	No	Yes	Yes

	OpenCms	Alfresco	Magnolia CMS	Apache Lenya	dotCMS	Hippo CMS
Matrix	No	No	No	No	Yes	No
My Page / Dashboard	No	Yes	No	No	Yes	Yes
Newsletter	Free Add On	No	Yes	No	Yes	Yes
Photo Gallery	Yes	Yes	Yes	No	Yes	Yes
Polls	Free Add On	No	Yes	No	Yes	Yes
Product Management	Costs Extra	No	Yes	No	Yes	Yes
Project Tracking	No	No	No	No	Costs Extra	No
Search Engine	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Site Map	Yes	Limited	Yes	No	Yes	Yes
Stock Quotes	No	No	No	No	Yes	Free Add On
Surveys	Free Add On	No	No	No	Yes	Yes
Syndicated Content (RSS)	Free Add On	No	Yes	Yes	Yes	Yes
Tests / Quizzes	No	No	No	No	Costs Extra	Yes
Time Tracking	No	No	No	No	Costs Extra	Yes
User Contributions	Free Add On	Limited	Yes	No	Yes	Yes
Weather	No	No	No	No	Yes	Free Add On
Web Services Front End	No	Yes	Limited	No	Yes	Yes
Wiki	No	Free Add On	Limited	No	Yes	Free Add On
<b>Commerce</b>	OpenCms	Alfresco	Magnolia CMS	Apache Lenya	dotCMS	Hippo CMS
Affiliate Tracking	No	No	No	No	Costs Extra	Yes
Inventory Management	No	No	No	No	Yes	No
Pluggable Payments	No	Free Add On	No	No	Yes	Yes
Pluggable Shipping	No	Free Add On	No	No	Yes	No
Pluggable Tax	No	Free Add On	No	No	Yes	No
Point of Sale	No	Free Add On	No	No	Costs Extra	No
Shopping Cart	Free Add On	Free Add On	Yes	No	Yes	Yes
Subscriptions	No	No	No	No	Costs Extra	Yes
Wish Lists	No	No	No	No	Costs Extra	No

### A3. Mapas de Interacción obtenidos durante el análisis de deCODEme

#### 1. Mapa general

<b>Nombre</b>	<b>Home</b>	
<b>Tipo</b>	<input checked="" type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Es página de bienvenida de <i>deCODEme</i> . Este contexto ofrece accesos directos a las zonas del portal que más le interesa a la empresa que visiten los usuarios.	
<b>URL</b>	<a href="http://www.decodeme.com/">http://www.decodeme.com/</a>	
<b>Alcanzable desde</b>	Todos los contextos	
<b>Contextos Alcanzables</b>		
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>	
How deCODEme Works:: Customer Stories	Read our customer stories	
How deCODEme Works:: Stories Details	Imágenes que cambian cada 20s.	
How deCODEme Works::Scientific leadership	Scientific leadership	
Health::Genes and health	Health	
Health::Conditions we cover	Genetic risk for 47 diseases and traits	
Health::Condition details 1	Hearth Attack [...]	
Health::Condition details 2	Diabetes [...]	
Health::Complete Scan	Learn more	
Genetics Explained::Overview	Genetics Explained	

<b>Nombre</b>	<b>How deCODEme Works</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input checked="" type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	El objetivo es mostrar al usuario el proceso que usan para recoger las muestras de ADN. Principalmente explica el procedimiento a seguir y los beneficios que puedes obtener incluyendo experiencias de otros usuarios.	
<b>URL</b>	<a href="http://www.decodeme.com/about-decodeme">http://www.decodeme.com/about-decodeme</a>	

<b>Nombre</b>	<b>Genetics Explained</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input checked="" type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Este subsistema se centra exclusivamente en explicar al usuario cómo funciona la genética y las consecuencias que conlleva las variaciones en el ADN, remarcando los beneficios deshacerse un análisis.	
<b>URL</b>	<a href="http://www.decodeme.com/genetic-code">http://www.decodeme.com/genetic-code</a>	

<b>Nombre</b>	<b>Try Demo</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	<p>Desde esta página invitan a acceder al un espacio donde se simula una intranet de un usuario que ha contratado sus servicios. Ofrece un pequeño resumen de lo que puedes encontrarte como pueden ser los resultados del análisis e información sobre cada una de las enfermedades dependiendo del riesgo obtenido del usuario. En la parte inferior hay un espacio con cada una de las afecciones que pueden ser analizadas.</p>
<b>URL</b>	<a href="http://www.decodeme.com/try-demo">http://www.decodeme.com/try-demo</a>
<b>Alcanzable desde</b>	How deCODEme Works::About deCODEme Health::Genes and health Health::Complete Scan
<b>Contextos Alcanzables</b>	
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>
How deCODEme Works:: Stories Details	Our customer stories
Health::Condition Details 1	Brain Cancer Clicoma
Health::Condition Details 2	Abdominal Aourtic Aneurysm
Health::Condition we cover	Conditions we cover
Store	Visit our store

<b>Nombre</b>	<b>Store</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	<p>Desde aquí se puede realizar la compra de un análisis personalizado. DeCODEme dispone de tres análisis distintos que son Cardio Scan, Cancer Scan y Complete Scan, pero este último es el único que está en venta.</p>
<b>URL</b>	<a href="https://www.decodeme.com/store">https://www.decodeme.com/store</a>
<b>Alcanzable desde</b>	How deCODEme Works::About deCODEme Health::Genes and health Health::Conditions we cover Health::Complete Scan Try Demo

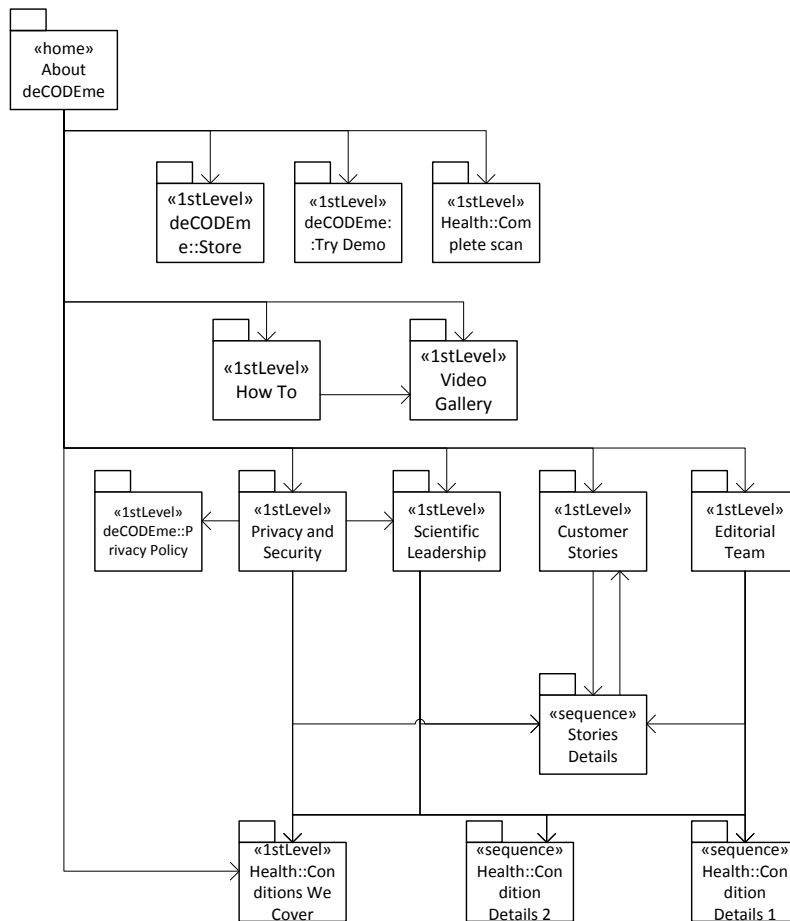
<b>Nombre</b>	<b>Purchasing</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	<p>Contexto perteneciente al proceso de compra. En ella se solicita los datos personales y la contraseña. Si el usuario ha recibido el kit para enviar la muestra puede vincularla a la cuenta añadiendo el código identificador.</p> <p>En la parte izquierda incluye la información del valor total de la compra. Para finalizar la compra es imprescindible rellenar todos los datos y aceptar los términos de uso.</p>
<b>URL</b>	<a href="https://www.decodeme.com/purchase_accounts/23683/edit">https://www.decodeme.com/purchase_accounts/23683/edit</a>
<b>Alcanzable desde</b>	Store

<b>Nombre</b>	<b>Login</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	<p>Desde aquí el usuario puede iniciar sesión en el caso de que ya posea el nombre de usuario y contraseña. Para tener privilegios de acceso es requisito imprescindible adquirir uno de los análisis. También ofrece la posibilidad de iniciar sesión a través de las redes sociales.</p>
<b>URL</b>	<a href="https://www.decodeme.com/login">https://www.decodeme.com/login</a>
<b>Contextos Alcanzables</b>	
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>
Forgot Password	Forgot my password

<b>Nombre</b>	<b>Forgot Password</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	<p>Si un usuario no recuerda sus credenciales para iniciar sesión desde aquí las puede recuperar bien introduciendo su dirección de correo electrónico o su nombre de usuario.</p>
<b>URL</b>	<a href="https://www.decodeme.com/forgot-password">https://www.decodeme.com/forgot-password</a>
<b>Alcanzable desde</b>	Login



## 2. Subsistema How deCODEme Works



<b>Nombre</b>	<b>About deCODEme</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input checked="" type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Es la página principal del subsistema de "How deCODEme Works". Muestra de manera resumida los pasos a seguir para obtener un análisis genético, acompañando cada etapa con un enlace o video explicativo. Las etapas que destaca son: la compra del análisis, recogida de muestra, análisis del ADN, y resultados.	
<b>URL Alcanzable desde</b>	http://www.decodeme.com/about-decodeme Home	
<b>Contextos Alcanzables</b>		
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>	
Customer stories	Read experiences	
Scientific leadership	About deCODEgenetics	
How to collect your DNA example	Using the collector	
Health::Complete Scan	deCODEme is a genetic health scan	
Health::Conditions We Cover	Your genes, your health, your data	
Try demo	Try demo	
Store	Complete Scan, Visit our store	

<b>Nombre</b>	<b>Customer Stories</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	La finalidad es reunir en un solo contexto las experiencias de usuarios de forma ordenada y resumida. Cada experiencia viene acompañada de una imagen, un breve resumen, los usuarios involucrados y el enlace directo al resto de información. De esta manera es posible ver de manera rápida como el análisis genético ha contribuido positivamente en sus vidas.	
<b>URL</b>	<a href="http://www.decode.me.com/customer-stories">http://www.decode.me.com/customer-stories</a>	
<b>Alcanzable desde</b>	Home Stories detail Genes and health	
<b>Contextos Alcanzables</b>		
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>	
Customer stories	Read more Watch video	

<b>Nombre</b>	<b>Stories details</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Muestra la información de la experiencia del cliente más completa y detallada que en Customer stories. Este contexto no solo incluye la información mostrada en Customer stories sino que esta es completada con vídeos y un pequeño relato escrito por el cliente o en su defecto por su médico. Desde una historia es posible navegar a otra por medio de una paginación que las recorre de forma ordenada, pudiendo pasar a la anterior "previous" o a la siguiente "next".	
<b>URL</b>	<a href="http://www.decode.me.com/customer-stories/the-path-to-prevention">http://www.decode.me.com/customer-stories/the-path-to-prevention</a>	
<b>Alcanzable desde</b>	Customer stories Scientific Leadership Editorial team Privacy and Security Health::Conditions we cover Health::Condition Details Health::Complete Scan Health::Cancer Scan Health::Cardio Scan	
<b>Contextos Alcanzables</b>		
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>	
Stories details	Next	
Customer stories	All stories	

<b>Nombre</b>	<b>Editorial team</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Muestra una descripción detallada del equipo de deCODEme, incluyendo nombre, fotografía, cargo, especialidad y una breve descripción de su función en la empresa.	
<b>Contextos Alcanzables</b>		
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>	
Stories details	Our customer stories	
Health::Conditions we cover	Conditions we cover	

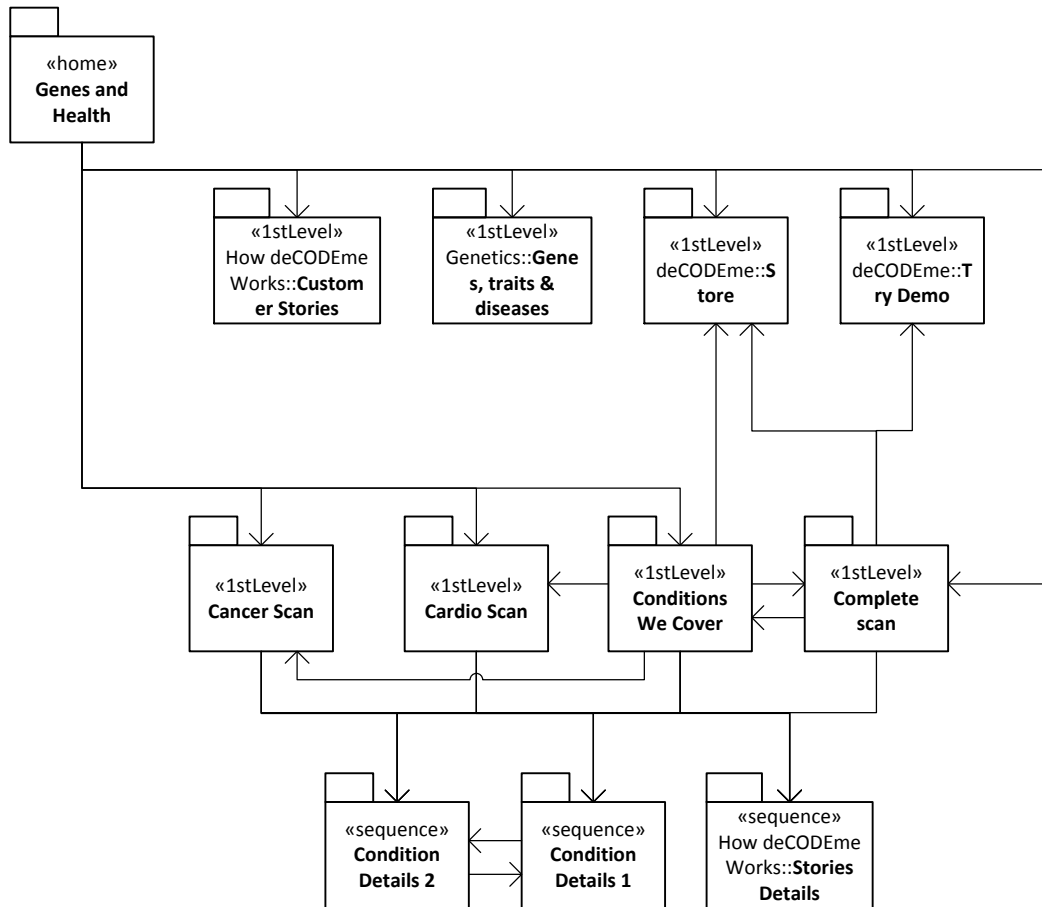
<b>Nombre</b>	<b>Scientific leadership</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Indican mediante una reseña sus avances científicos y su liderazgo en el descubrimiento genético. Además, recoge las publicaciones de los científicos de deCODE, organizadas por año de publicación a través de una navegación por pestañas, para ofrecer una presentación mas organizada y facilitar la búsqueda de los artículos. Una vez seleccionado el año, ofrece la lista de publicaciones asociadas a ese año y la opción de ver el un breve resumen.	
<b>URL</b>	<a href="http://www.decode.com/scientific-leadership">http://www.decode.com/scientific-leadership</a>	
<b>Alcanzable desde</b>	Home About deCODEme Editorial Team	
<b>Contextos Alcanzables</b>		
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>	
Stories details	Our customer stories	
Health::Conditions we cover	Conditions we cover	

<b>Nombre</b>	<b>Privacy and security</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Explica la política de privacidad y seguridad de los datos almacenados. También comenta como puedes configura la privacidad de tus datos personales. .	
<b>URL</b>	<a href="http://www.decode.com/security-privacy">http://www.decode.com/security-privacy</a>	
<b>Contextos Alcanzables</b>		
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>	
Stories details	Our customer stories	
Scientific Leadersip	deCODE's experience in genetic researc	
Privacy Policy	Read our privacy policy	
Health::Conditions we cover	Conditions we cover	

<b>Nombre</b>	<b>How to collect your DNA sample</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Este contexto únicamente contiene un enlace a la galería de vídeos y un vídeo en el que se explica paso por paso como recoger correctamente la muestra de ADN con el kit que envía deCODE a la casa del usuario.	
<b>URL Alcanzable desde</b>	http://www.decodeme.com/how-to-collect-your-dna About deCODEme	
<b>Contextos Alcanzables</b>		
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>	
Video Gallery	Back to the video gallery	

<b>Nombre</b>	<b>Video Gallery</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Galería de videos considerados importantes por deCODEme. Cada vídeo se muestra con un título, pequeña descripción y un fotograma que da una idea de que te ofrece el vídeo.	
<b>URL Alcanzable desde</b>	http://www.decodeme.com/video How to collect your DNA sample	

### 3. Subsistema Health



<b>Nombre</b>	<b>Genes and Health</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input checked="" type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Este contexto es el que se muestra por defecto al seleccionar el subsistema Health, es por ello que únicamente recoge enlaces a sitios importantes. También destaca las enfermedades más comunes y da acceso tanto a la tienda como a la demostración del espacio privado para los usuarios registrados.	
<b>URL</b>	<a href="http://www.decodeme.com/genes-and-health">http://www.decodeme.com/genes-and-health</a>	
<b>Contextos Alcanzables</b>		
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>	
Conditions we cover	Conditions we cover Imagen mostrando dos mujeres.	
Complete Scan	Our complete scan	
Cancer Scan	Scans for cancers	
Cardio Scan	Scans for cardio conditions	
Genetics Explained::Genes, traits and diseases	How genes affect disease, Imagen mostrando dos personas mayores	
Store	Our genetic scan & store Imagen mostrando chicas en un laboratorio	
Try demo	Try a demo of our service	

<b>Nombre</b>	<b>Conditions we cover</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Muestra un listado de todas las afecciones que pueden ser analizadas. Estas enfermedades se encuentra categorizadas por grupos según qué tipo u organismo afecte (sangre, huesos, nervios...) Una vez seleccionada una de ellas se realiza una navegación al contexto Conditons Details el cual contiene la descripción de esa afección en particular. La diferencia entre navegar a Condition Details 1 o Conditions Details 2 reside en la cantidad de información que contienen de cada una.
<b>URL</b>	<a href="http://www.decodeme.com/conditions-covered">http://www.decodeme.com/conditions-covered</a>
<b>Alcanzable desde</b>	Home How deCODEme Works::Abut deCODEme How deCODEme Works::Editorial team How deCODEme Works::Privacy and security How deCODEme Works::Scientific leadership Genes and health Complete scan
<b>Contextos Alcanzables</b>	
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>
Complete Scan	Complete scan
Cardio scan	Cardio scan
Cancer scan	Cancer scan
Conditions details 1	Brain Cancer Glicoma, ...
Conditions details 2	Basal Cell Glicoma, ...
Store	Go to Store
How deCODEme Works::Stories Details	Our customer stories

<b>Nombre</b>	<b>Complete Scan</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Ofrece una descripción de las características del Complete Scan. Especifica que enfermedades están incluidas incluyendo las enfermedades, y un enlace tanto a la demo como a la tienda para poder adquirirlo.
<b>URL</b>	<a href="http://www.decodeme.com/complete-genetic-scan">http://www.decodeme.com/complete-genetic-scan</a>
<b>Alcanzable desde</b>	Conditions we cover
<b>Contextos Alcanzables</b>	
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>
Conditions we Cover	47 traits and conditions
Conditons details 1	Cancerk
Conditons details 2	Diabetes
How deCODEme Works::Stories details	Our customer stories
Glossary	SNP

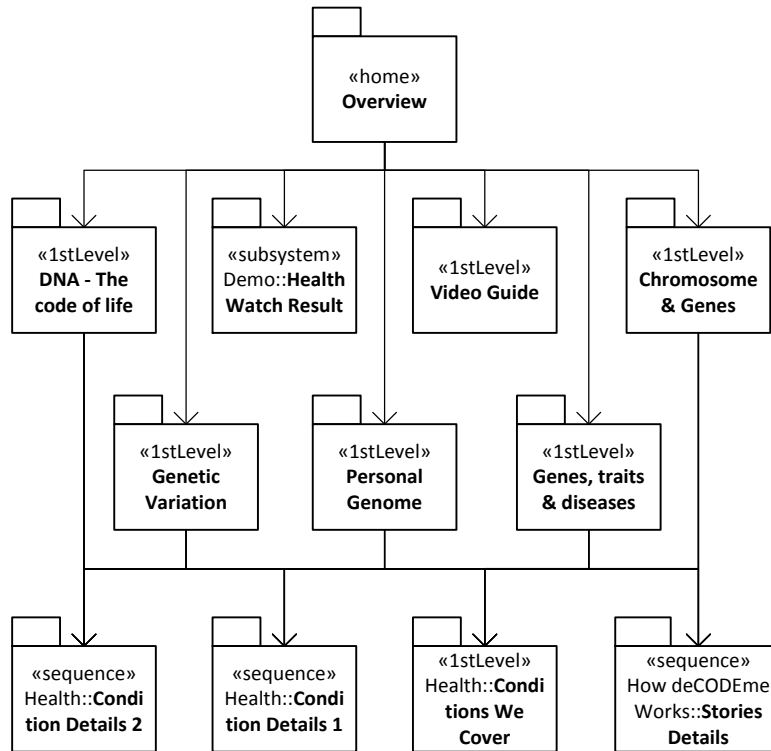
<b>Nombre</b>	<b>Condition Details 1</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	<p>El camino normal para llegar a este contexto es a través de Conditions we Cover, aunque existen muchos enlaces repartidos por varias páginas.</p> <p>En este contexto se presenta toda la información almacenada por deCODEme sobre una enfermedad en particular. Ofrece una navegación por pestañas para organizar la información. La organización no es siempre la misma ya que varía el para cada enfermedad. Las secciones que aparecen más a menudo son: About, Symptoms, Risk factors y resources.</p>	
<b>URL</b>	<a href="http://www.decodeme.com/breast-cancer">http://www.decodeme.com/breast-cancer</a>	
<b>Alcanzable desde</b>	Home How deCODEme Works::Editorial Team How deCODEme Works::Privacy and security How deCODEme Works::Scientific leadership Conditions we cover Cardio Scan Cancer Scan Try Demo	
<b>Contextos Alcanzables</b>		
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>	
Conditions we Cover	Conditions we cover	
Conditons details 1	Cancer	
Conditons details 2	Diabetes	
How deCODEme Works::Stories details	Our customer stories	
Demo::Health Watch Results::Results details	See what your genetic test results could look like	

<b>Nombre</b>	<b>Cancer scan</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	<p>Comenta la importancia de la detección temprana de un cáncer y como los resultados del análisis pueden ayudar a prevenirlos. Detalla el precio y la lista de cánceres que están incluidos en este escáner. No es posible comprarlos por la tienda, en vez de ello, ofrece un enlace a la página de deCODEhealth para que pueda contratarlo a través de su médico.</p>	
<b>URL</b>	<a href="http://www.decodeme.com/cancer-scan">http://www.decodeme.com/cancer-scan</a>	
<b>Alcanzable desde</b>	Genes and health Conditions we cover	
<b>Contextos Alcanzables</b>		
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>	
Conditons details 1	Breast Cancer, ...	
Conditons details 2	Bladder Cancer,...	
How deCODEme Works::Stories details	Our customer stories	

<b>Nombre</b>	<b>Cardio scan</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	<p>Justifica los beneficios de este análisis para poder prevenir problemas cardiacos por ejemplo un ataque de corazón derivado de un alto colesterol. Este análisis no está disponible al igual que el análisis de cáncer. En su lugar ofrece un acceso para que sea contratado a través de su médico personal.</p> <p>La lista de las enfermedades que incluye en el análisis son: ataques de corazón, aneurisma aórtico , fibrilación auricular, arteriopatía periférica, aneurisma intracraneal y tromboembolismo venoso.</p>
<b>URL</b>	<i><a href="http://www.decodeme.com/cardio-scan">http://www.decodeme.com/cardio-scan</a></i>
<b>Alcanzable desde</b>	Genes and health Conditions we cover
<b>Contextos Alcanzables</b>	
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>
Conditons details 1	Hearh attack
Conditons details 2	Abdominal Aourtic Aneurysm
How deCODEme Works::Stories details	Our customer stories



#### 4. Subsistema Genetics Explained



<b>Nombre</b>	<b>Overview</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input checked="" type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	<p>Muestra de forma breve los contenidos disponibles en este subsistema.</p> <p>También ofrece acceso a la sección de la demostración donde se explican los pasos que siguen para calcular tanto los riesgos de una persona como las variaciones genéticas.</p>
<b>URL Alcanzable desde</b>	<p><a href="http://www.decode.com/genetics-explained">http://www.decode.com/genetics-explained</a></p> <p>Home</p>
<b>Contextos Alcanzables</b>	
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>
Video guide	{Imagen mostrando una sección del ADN}
DNA The code of life	{Imagen mostrando código genético}
Chromosomes and genes	{Imagen mostrando cromosomas}
Genetic variation	{Imagen mostrando parte del ADN}
Your personal genome	{Imagen mostrando parte del ADN}
Genes, traits and diseases	{Imagen mostrando el esqueleto humano}
Demo::Health Watch Results	Click here

<b>Nombre</b>	<b>DNA Code of life</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	En este contexto explican brevemente que es y cómo funciona el ADN. Describe que el ADN contiene la información genética de los organismo y como determina nuestros fenotipos y la probabilidad de desarrollar enfermedades.	
<b>URL</b>	<a href="http://www.decodeme.com/genetic-code">http://www.decodeme.com/genetic-code</a>	
<b>Contextos Alcanzables</b>		
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>	
Health::Conditons details 1	Cancer	
Health::Conditons details 2	Diabetes	
How deCODEme Works::Stories details	Our customer stories	

<b>Nombre</b>	<b>Chromosomes and genes</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Ofrece una explicación de cómo son heredados los cromosomas de nuestros padre y como la combinación de cromosomas determinan nuestro fenotipo. Entra más en detalle en la forma en la que se organizan los cromosomas del padre con los de la madre.	
<b>URL</b>	<a href="http://www.decodeme.com/genetic-code">http://www.decodeme.com/genetic-code</a>	
<b>Contextos Alcanzables</b>		
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>	
Health::Conditons details 1	Cancer	
Health::Conditons details 2	Diabetes	
How deCODEme Works::Stories details	Our customer stories	

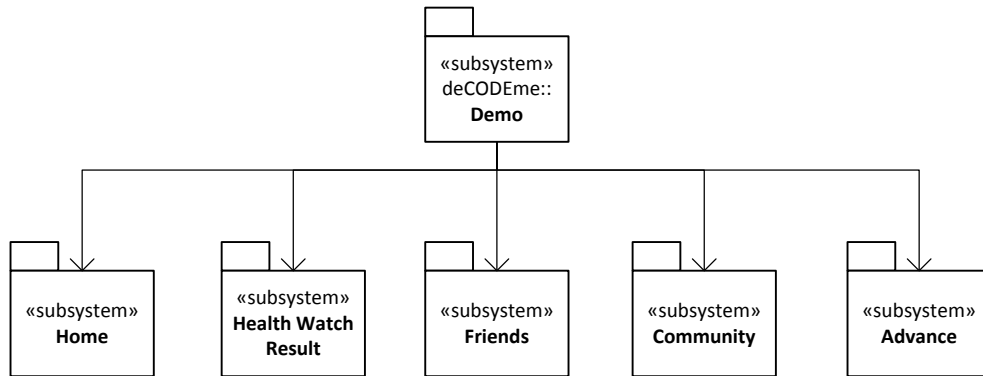
<b>Nombre</b>	<b>Genetic Variation</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Este contexto recopila la información referente a las variaciones genéticas y como el ADN se transmite de padres a hijos a través de las generaciones. Por otra parte comenta como estas pequeñas variaciones en el ADN entre generaciones hace que los padres sean tan parecidos a los hijos.	
<b>URL</b>	<a href="http://www.decodeme.com/genetic-variation">http://www.decodeme.com/genetic-variation</a>	
<b>Contextos Alcanzables</b>		
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>	
Health::Conditons details 1	Cancer	
Health::Conditons details 2	Diabetes	
How deCODEme Works::Stories details	Our customer stories	

<b>Nombre</b>	<b>Your personal genome</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Muestra de que manera, la recombinación de los genes de nuestros padres forman nuestro código genético. Por otra parte explica como el género al que pertenecemos, nuestras características físicas y el riesgo de contraer una enfermedad son determinados por diferencias genéticas entre los 23 pares de cromosomas.	
<b>URL</b>	<a href="http://www.decode.com/genetics-and-health">http://www.decode.com/genetics-and-health</a>	
<b>Contextos Alcanzables</b>		
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>	
Health::Conditons details 1	Cancer	
Health::Conditons details 2	Diabetes	
How deCODEme Works::Stories details	Our customer stories	

<b>Nombre</b>	<b>Video guide</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Muestra un vídeo donde muestra una visión global de que es el genoma. Como simplemente es la recuperación de un archivo, se crea un filtro por id, el cual representará el video en cuestión.	
<b>URL</b>	<a href="http://www.decode.com/genetics-explained-video">http://www.decode.com/genetics-explained-video</a>	
<b>Alcanzable desde</b>	Overview	

<b>Nombre</b>	<b>Genes, traits and diseases</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Este contexto es el más importante de todos de cara a la empresa deCODE ya que explica que enfermedades son analizadas y las ventajas de conocer el riesgo de contraerlas.	
<b>URL</b>	<a href="http://www.decode.com/genes-traits-diseases">http://www.decode.com/genes-traits-diseases</a>	
<b>Contextos Alcanzables</b>		
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>	
Health::Conditons details 1	Cancer	
Health::Conditons details 2	Diabetes	
How deCODEme Works::Stories details	Our customer stories	

## 5. Subsistema *Demo*



<b>Nombre</b>	<b>Home</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	A este subsistema se accede por defecto al entrar en el sistema. Desde aquí se puede gestionar la cuenta del usuario, ver las compras realizadas y editar sus datos personales.
<b>URL</b>	<a href="http://demo.decodeme.com/your-results">http://demo.decodeme.com/your-results</a>
<b>Contextos Alcanzables</b>	
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>
Overview	Overview
Settings	Settings
Feedback & research	Feedback & research
Purchases	Purchases

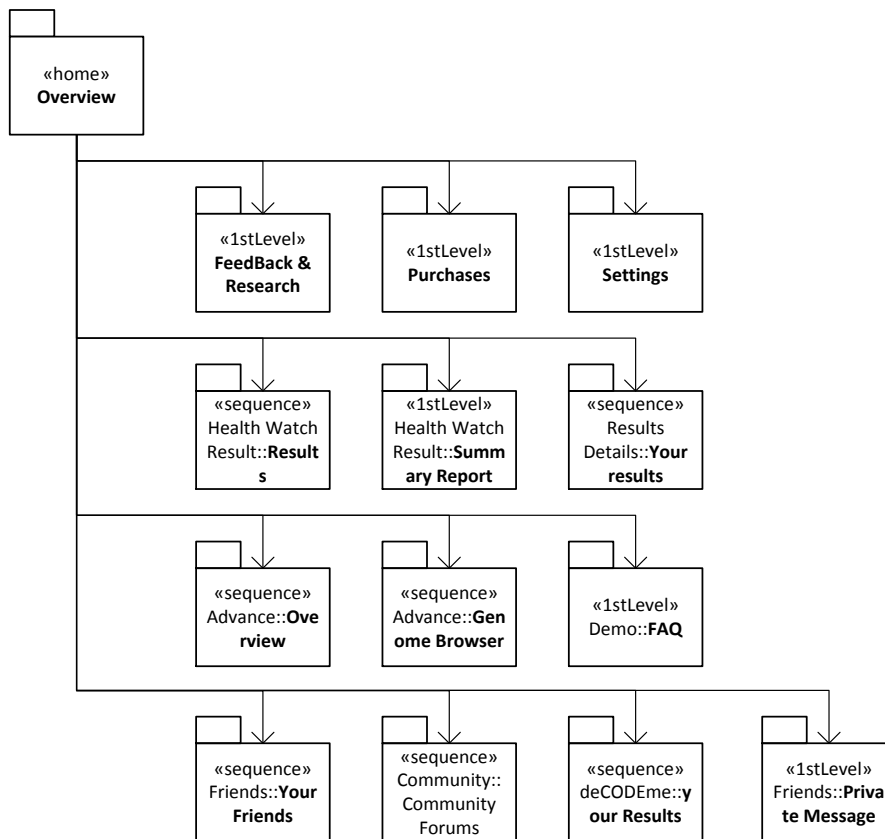
<b>Nombre</b>	<b>Health Watch Results</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Es la sección de la demo de deCODEme encargada de presentar los resultados previamente analizados del usuario. Explican cómo han sido obtenidos y las fuentes utilizadas para contrastar los resultados.
<b>URL</b>	<a href="http://demo.decodeme.com/health-watch">http://demo.decodeme.com/health-watch</a>
<b>Contextos Alcanzables</b>	
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>
Results	Results
Summary Report	Summary Report
SNP selection and Risk calculation	SNP selection and Risk calculation
Calculation Log	Calculation Log

<b>Nombre</b>	<b>Friends</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Este subsistema es el que engloba la gestión de amigos dentro de deCODEme. Permite buscarlos para añadir nuevos amigos, enviar invitaciones y mensajes.	
<b>URL</b>	<a href="http://demo.decode.me.com/friends">http://demo.decode.me.com/friends</a>	
<b>Contextos Alcanzables</b>		
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>	
Your Friends	Your Friends	
Search for and invite friends	Search for and invite friends	
Private messages	Private messages	

<b>Nombre</b>	<b>Community</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input checked="" type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Presenta la lista de foros donde el usuario puede navegar y participar en ellos.	
<b>URL</b>	<a href="http://demo.decode.me.com/forums">http://demo.decode.me.com/forums</a>	
<b>Contextos Alcanzables</b>		
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>	
Community Forums	Community Forums	

<b>Nombre</b>	<b>Advanced</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input checked="" type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Es la parte de la demo encargada de presentar los resultados obtenidos del análisis del usuario de manera más técnica. Ofrece un navegador el cual muestra cada la posición de cada una de las variaciones del ADN.	
<b>URL</b>	<a href="http://demo.decode.me.com/advanced">http://demo.decode.me.com/advanced</a>	
<b>Contextos Alcanzables</b>		
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>	
Overview	Overview	
Genome browser	Genome browser	
Dat download	Dat download	
SNP lookup	SNP lookup	
Research catalog	Research catalog	

## 6. Subsistema Home



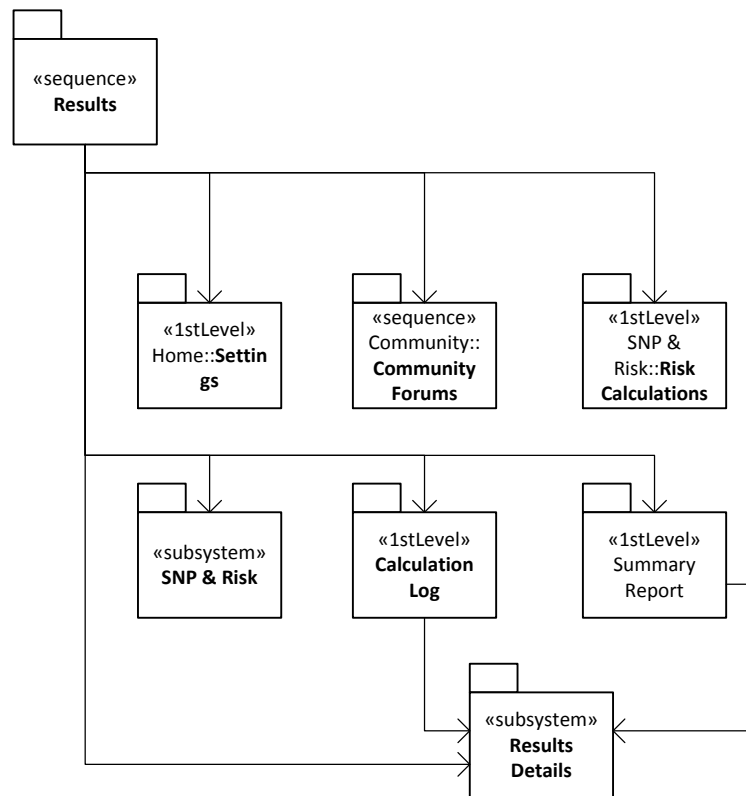
<b>Nombre</b>	<b>Overview</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input checked="" type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Este contexto es el primero que se muestra al acceder al sistema. Recoge los accesos a los contextos más importantes y por tanto, los más visitados por el usuario. Dispone de un visor con las últimas noticias referentes a deCODE	
<b>URL</b>	<a href="http://demo.decodeme.com/your-results">http://demo.decodeme.com/your-results</a>	
<b>Contextos Alcanzables</b>		
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>	
FAQ	View our FAQ	
Settings	Change Settings	
FeedBack & Research	Edit answers	
Health Watch Results::Your Results	Go to condition...	
Health Watch Results::Summary Report	Health Report	
Health Watch Results::Results	Health results	
Friends::Your Friends	Friends Sharing	
Friends::Private Messages	Private messages	
Community::Community	Visit the forum	
Advance::Overview	Advance Options	
Advance::Genome Browser	Genome Browser	

<b>Nombre</b>	<b>Settings</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	<p>Muestra los datos almacenados por deCODEme del usuario. Ofrece la posibilidad de editar los datos personales del usuario a través de formularios y configurar el grado de privacidad para cada uno de los atributos por separado. Se pueden elegir tres grados de privacidad:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• <b>Public:</b> Accesible para todo el mundo</li> <li>• <b>Friends only:</b> Accesible solo para los amigos</li> <li>• <b>Private:</b> nadie puede verlo.</li> </ul>
<b>URL</b>	<i>http://demo.decodeme.com/settings</i>
<b>Alcanzable desde</b>	Overview Health Watch Results::Results Friends::Your friends

<b>Nombre</b>	<b>Feedback &amp; research</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	<p>A través de un formulario deCODEme ofrece al usuario la posibilidad de participar en la investigación para refinar su modelo genético. Esta opción es completamente voluntaria. Las preguntas van desde información personal hasta específicas para cada una de las enfermedades.</p>
<b>URL</b>	<i>http://demo.decodeme.com/feedback-and-research</i>

<b>Nombre</b>	<b>Purchases</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	<p>No es posible analizar este contexto ya que no dan acceso en la demo por no estar registrados.</p>
<b>URL</b>	<i>http://demo.decodeme.com/purchases</i>

## 7. Subsistema Health Watch Results



<b>Nombre</b>	<b>Results</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel <input checked="" type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	<p>En ella se muestran los resultados de cada una de las afecciones que han sido analizadas. Para cada una muestra:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• <u>El riesgo genético relativo</u>: indica la escala del riesgo genético a través de la imagen de un termómetro. Muestra si el riesgo está por debajo o por encima de la media.</li> <li>• <u>Su riesgo de por vida</u>: Se muestra con dos barras de colores. En una muestra el tanto por cien de contraer la enfermedad durante el resto de su vida. En la barra de abajo muestra la probabilidad media que tiene el resto de la población con el mismo origen étnico y género.</li> <li>• <u>Breve descripción</u> de los rasgos y características que son afectados por la información genética.</li> </ul> <p>Enlace al subsistema Results Details con una descripción más completa.</p>
<b>URL Alcanzable desde</b>	<p><a href="http://demo.decode.me.com/health-watch">http://demo.decode.me.com/health-watch</a></p> <p>Home::Overview</p>
<b>Contextos Alcanzables</b>	
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>
Home::Settings	Your settings
Community::Community	Join in the forum discussion
SNP & Risk::Risk Calculations	How deCODEme calculates risks



<b>Nombre</b>	<b>Summary Report</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Para que el usuario tenga su copia en pdf, este contexto ofrece la posibilidad de personalizar que afecciones quiere incluir en el informe. Hay un listado con todas las enfermedades posibles y la posibilidad de seleccionar una por una las que desea incluir y descartar las que no quiere que estén presentes. También puede ordenarse por nombre, riesgo genético y riesgo durante el periodo de vida.	
<b>URL</b>	<a href="http://demo.decode.me.com/summary-report">http://demo.decode.me.com/summary-report</a>	
<b>Alcanzable desde</b>	Home::Overview	
<b>Contextos Alcanzables</b>		
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>	
Results details::Your Results	Abdominal Aortic Aneurysm	
	...	

<b>Nombre</b>	<b>Calculation Log</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Para completar la información sobre riesgos y sus dependencias con las etnias y los géneros, en este contexto muestra una tabla con información enlazada por cada una de las posibles combinaciones entre enfermedades, etnia y género.	
<b>URL</b>	<a href="http://demo.decode.me.com/health-watch/risk-calculation-log">http://demo.decode.me.com/health-watch/risk-calculation-log</a>	

<b>Nombre</b>	<b>Results details</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input checked="" type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Solo es posible acceder a este subsistema a través de una navegación por objeto. El objeto en este caso es una enfermedad la cual explican más en detalle que en el contexto de primer nivel <i>Results</i>	
<b>URL</b>	<a href="http://demo.decode.me.com/summary-report">http://demo.decode.me.com/summary-report</a>	
<b>Alcanzable desde</b>	Health Watch Results	
<b>Contextos Alcanzables</b>		
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>	
Your Results	Your Results	
Background	Background	
Risk and prevention	Risk and prevention	
Scientific details	Scientific details	

Community::Community	discussion
----------------------	------------

<b>Nombre</b>	<b>SNP &amp; Risk</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input checked="" type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Este sección contienen descripciones de las normas y directrices que deCODEme aplica para que la información de riesgo genético sean fiables. Por lo tanto explica los criterios para la selección de variaciones genéticas (SNP) y los procedimientos que realizan para asegurar que las mediciones y cálculos son los correctos.	
<b>URL</b>	<a href="http://demo.decode.me.com/health-watch-information/snp-selection">http://demo.decode.me.com/health-watch-information/snp-selection</a>	
<b>Alcanzable desde</b>	Health Watch Results	
<b>Contextos Alcanzables</b>		
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>	
Selection of SNP's	Selection of SNP's	
Measurement of SNP's	Measurement of SNP's	
About risk	About risk	
Risk calculations	Risk calculations	
appendix	appendix	

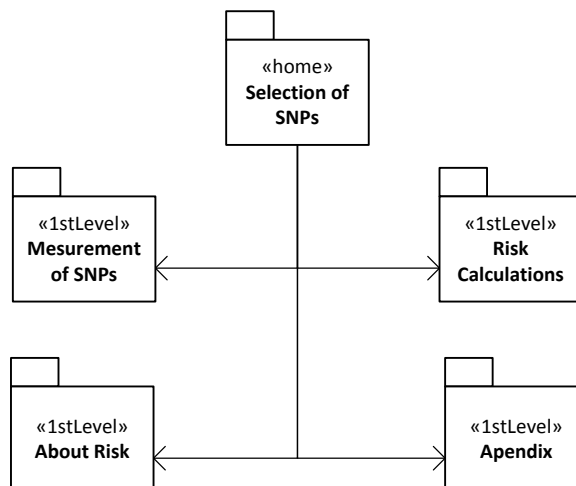
<b>Nombre</b>	<b>Risk and prevention</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Muestra los riesgos y la manera de prevenir la enfermedad. Para que los usuarios puedan consultar los resultados con un experto también está disponible un enlace a <i>Consult Expert</i> .	
<b>URL</b>	<a href="http://demo.decode.me.com/health-watch/prevention/AAA">http://demo.decode.me.com/health-watch/prevention/AAA</a>	
<b>Alcanzable desde</b>	Your results	
<b>Contextos Alcanzables</b>		
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>	
Consult Expert	Contact our experts.	

<b>Nombre</b>	<b>Your Results</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input checked="" type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	<p>Muestra la misma información que se mostraba en <i>Results</i>, pero esta vez para una enfermedad en concreto. Sigue el mismo esquema de barras y termómetro para representar los datos de manera más atractiva.</p> <p>También incluye la posibilidad de consultar estos resultados con un experto, <i>Consult Expert</i>, pero la página no es accesible desde la demo y pide registro.</p>
<b>URL</b>	<a href="http://demo.decodeme.com/health-watch/risk_summary/AAA">http://demo.decodeme.com/health-watch/risk_summary/AAA</a>
<b>Alcanzable desde</b>	Home::Overview Calculation log Summary Report Results
<b>Contextos Alcanzables</b>	
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>
Risk and Prevention	Risk factors
Consult Expert	Ask a question About...
SNP & Risk::Risk Calculations	how deCODEme calculates risks
SNP & Risk::About risk	Risk

<b>Nombre</b>	<b>Background</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Muestra una descripción de la afección, repitiendo la misma información que está publicada en <i>Conditions Details</i> de deCODEme
<b>URL</b>	<a href="http://demo.decodeme.com/health-watch/introduction/AAA">http://demo.decodeme.com/health-watch/introduction/AAA</a>
<b>Contextos Alcanzables</b>	
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>
Your results	View Results

<b>Nombre</b>	<b>Scientific details</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	<p>Ofrece una descripción más científica de los resultados obtenidos y los compara con el resto de la población. Utiliza un gráfico que representa la fracción de la población que tiene un riesgo genético más bajo y más alto que usuario.</p> <p>También se puede ver una tabla donde muestra los datos de las variaciones y las fuentes de información que han usado para obtener las conclusiones.</p> <p>Desde cada variación se puede acceder al navegador del genoma donde muestra la ubicación de los genes involucrados en la secuencia del ADN. También se puede ver su ubicación en el cromosoma a través de una imagen que lo representa.</p>	
<b>URL</b>	<a href="http://demo.decodeme.com/health-watch/details/AAA">http://demo.decodeme.com/health-watch/details/AAA</a>	
<b>Contextos Alcanzables</b>		
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>	
SNP & Risk::Risk calculations	How deCODEme calculates genetic risk How deCODEme calculates risks.	
Advance::Genome Browser	rs10757278	

## 8. Subsistema “SNP Selection and Risk Calculation”



<b>Nombre</b>	<b>Selection of SNPs</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Muestra la información relacionada con la selección de riesgos asociados a las variaciones genéticas y como dependen de la etnia a la que uno pertenece.
<b>URL</b>	<a href="http://demo.decode.me.com/health-watch-information/snp-selection">http://demo.decode.me.com/health-watch-information/snp-selection</a>

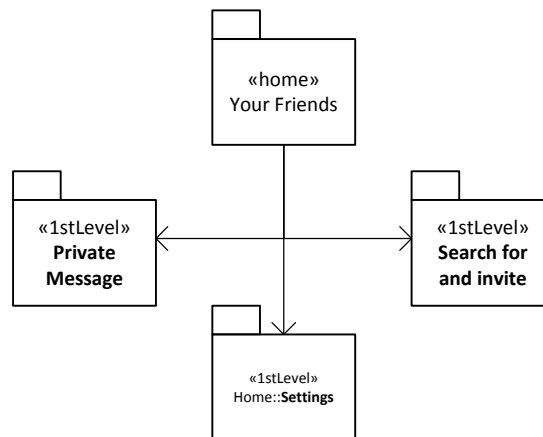
<b>Nombre</b>	<b>Measurement of SNPs</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Explica cómo se recolectan las muestras de ADN y se obtienen a partir de ellas los indicadores de riesgo genético
<b>URL</b>	<a href="http://demo.decode.me.com/health-watch-information/snp-measurement">http://demo.decode.me.com/health-watch-information/snp-measurement</a>

<b>Nombre</b>	<b>About Risk</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Explicación de cuál es el riesgo de contraer una enfermedad
<b>URL</b>	<a href="http://demo.decode.me.com/health-watch-information/about-risk">http://demo.decode.me.com/health-watch-information/about-risk</a>
<b>Alcanzable desde</b>	Results details::Your results

<b>Nombre</b>	<b>Risk calculations</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Detalla las dos etapas para calcular el riesgo genético, la tasa de probabilidades de riesgo para una sola variación genética y la probabilidad de cada individuo a partir del riesgo del resto de la población.
<b>URL</b>	<a href="http://demo.decode.me.com/health-watch-information/risk-calculation">http://demo.decode.me.com/health-watch-information/risk-calculation</a>
<b>Alcanzable desde</b>	Results Results Details::Your results

<b>Nombre</b>	<b>Appendix</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Define los tres tipos de genes que son considerados en el cálculo de riesgos de variaciones de los cromosomas: <ul style="list-style-type: none"> <li>• dominante</li> <li>• recesivo y</li> <li>• multiplicativo.</li> </ul>
<b>URL</b>	<a href="http://demo.decode.me.com/health-watch-information/appendix">http://demo.decode.me.com/health-watch-information/appendix</a>

## 9. Subsistema *Friends*



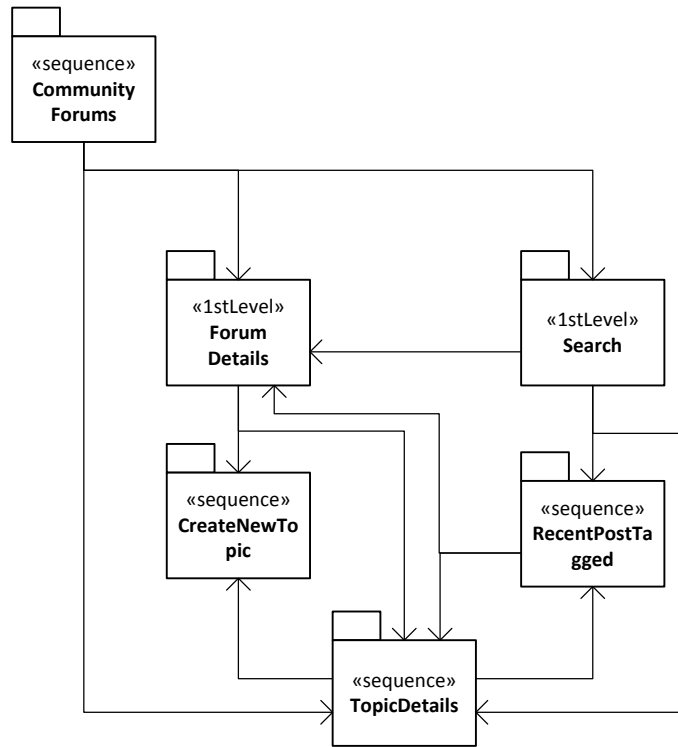
<b>Nombre</b>	<b>Your Friends</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Muestra todos los amigos del usuario a través de una paginación. Por una parte están los amigos que tienen relación con el árbol genealógico del usuario, que son los que llama "Your Friends" y por otra parte se encuentra el resto de amigos que no tienen por qué tener relación familiar, estos son los llamados "Your Public Friends" En cada uno de ellos se puede acceder a parte de su información o bien enviar un mensaje privado.
<b>URL</b>	<a href="http://demo.decode.me.com/friends">http://demo.decode.me.com/friends</a>
<b>Alcanzable desde</b>	Home::Overview
<b>Contextos Alcanzables</b>	
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>

Home::Settings	Edit your profile
Search for and invite friends	Search for friends

<b>Nombre</b>	<b>Search for invite</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	<i>(no es accesible desde la demo)</i>	
<b>URL</b>	<a href="http://demo.decode.me.com/friends-search">http://demo.decode.me.com/friends-search</a>	
<b>Alcanzable desde</b>	Your friends	

<b>Nombre</b>	<b>Private messages</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Ofrece un servicio de correo privado donde el usuario puede recuperar cualquier mensaje que haya recibido y ver los mensajes enviados. También enviar un mensaje nuevo aunque esta opción no está disponible tampoco en la demo.	
<b>URL</b>	<a href="http://demo.decode.me.com/messages">http://demo.decode.me.com/messages</a>	
<b>Alcanzable desde</b>	Home::Overview	

## 10. Subsistema *Community*



<b>Nombre</b>	<b>Community Forums</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Se centra en listar los foros y mostrar cual ha sido el último mensaje creado y su autor. Actualmente tiene tres foros distintos: <ul style="list-style-type: none"> <li>• Health Watch</li> <li>• Ancestry</li> <li>• General Discussion</li> </ul> Están disponible las políticas y normas de uso del foro que todos los usuarios deben de cumplir al crear mensajes nuevos	
<b>URL</b>	<a href="http://demo.decode.me.com/forums">http://demo.decode.me.com/forums</a>	
<b>Alcanzable desde</b>	Home::Overview Health Watch Results::Results Health Watch Results::Results details	
<b>Contextos Alcanzables</b>		
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>	
Forum details	Health Watch	
Search	Search	
Topic details	view	



<b>Nombre</b>	<b>Forums Details</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Cuando se accede muestra la lista de todos los hilos que pertenecen a ese foro ordenados por fecha. Para cada hilo existente en el foro muestra el título, nº de mensajes, nº de visitas y la fecha y nombre del último post creado.	
<b>URL</b>	<a href="http://demo.decode.me.com/forums/10000">http://demo.decode.me.com/forums/10000</a>	
<b>Alcanzable desde</b>	Search results	
<b>Contextos Alcanzables</b>		
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>	
Create New Topic	Health Watch - development of new features	
Topic details	Create new topic	

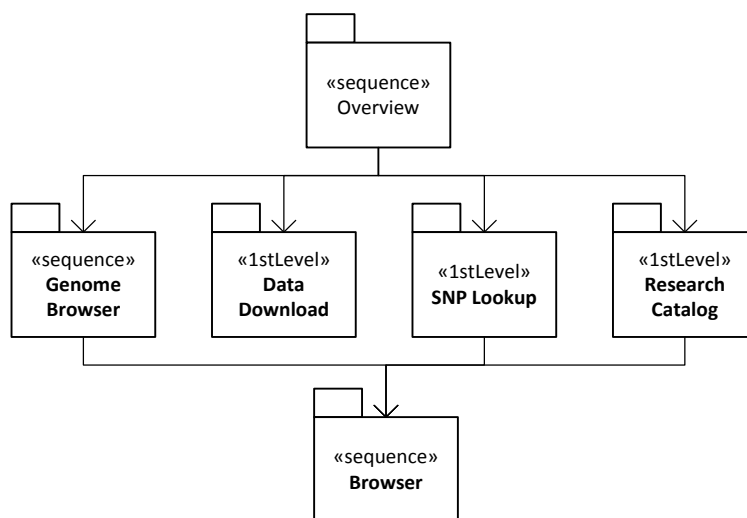
<b>Nombre</b>	<b>Search results</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Es un buscador de mensajes que muestra los resultados si la palabra introducida coincide con otra que esté incluida en el título, los tags o el contenido del mensaje.	
<b>URL</b>	<a href="http://demo.decode.me.com/posts/search?q=cancer">http://demo.decode.me.com/posts/search?q=cancer</a>	
<b>Contextos Alcanzables</b>		
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>	
Forum details	General discussion	
Topic details	Medical studing looking for connections	
Recent post tagged	General discussion	

<b>Nombre</b>	<b>Topic Details</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Muestra los mensajes del hilo seleccionado con una navegación por páginas, ordenados de la más antigua a la más reciente.	
<b>URL</b>	<a href="http://demo.decode.me.com/forums/10000/topics/11068">http://demo.decode.me.com/forums/10000/topics/11068</a>	
<b>Alcanzable desde</b>	Community Forums Forum Details Search results Recent Post Tagged	
<b>Contextos Alcanzables</b>		
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>	
Create New Topic	Create New Topic	
Recent Post Tagged	Blood	

<b>Nombre</b>	<b>Create New Topics</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <span style="margin-left: 200px;"><input type="checkbox"/> Home Subsystem</span> <input type="checkbox"/> Subsystem <span style="margin-left: 150px;"><input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem</span> <input type="checkbox"/> 1stLevel <span style="margin-left: 180px;"><input checked="" type="checkbox"/> Sequence</span>
<b>Descripción</b>	Sección donde se crearía un nuevo mensaje (no es accesible)
<b>URL</b>	<a href="http://demo.decode.me.com/forums/10000/topics/new">http://demo.decode.me.com/forums/10000/topics/new</a>
<b>Alcanzable desde</b>	Forum details Topic details

<b>Nombre</b>	<b>Recent post tagged</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <span style="margin-left: 200px;"><input type="checkbox"/> Home Subsystem</span> <input type="checkbox"/> Subsystem <span style="margin-left: 150px;"><input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem</span> <input type="checkbox"/> 1stLevel <span style="margin-left: 180px;"><input checked="" type="checkbox"/> Sequence</span>
<b>Descripción</b>	Lista los mensajes que estén etiquetados con la etiqueta que se selecciona desde los contextos Topic Detail o search. Lista los mensajes relacionados con una de las enfermedades desde el enlace discussion del subsistema Results details.
<b>URL</b>	<a href="http://demo.decode.me.com/posts?query_tag=abo+blood+types">http://demo.decode.me.com/posts?query_tag=abo+blood+types</a>
<b>Alcanzable desde</b>	Topic details Search Health Watch results::Results Details
<b>Contextos Alcanzables</b>	
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>
Forum details	Blood
Topic details	Missing data for ABO???

## 11. Subsistema *Advance*



<b>Nombre</b>	<b>Overview</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input checked="" type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Ofrece una vista resumida de lo que contienen el subsistema y una breve descripción a través de enlaces e imágenes que navegan a los contextos de primer nivel.	
<b>URL Alcanzable desde</b>	http://demo.decode.me.com/advanced Home::Overview	
<b>Contextos Alcanzables</b>		
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>	
Genome Browser	Browse your genome	
Data download	Download your data	
SNP lookup	Search for SNPs	
Research catalog	View Catalog	

<b>Nombre</b>	<b>Genome Browser</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	La misión de este contexto es presentar el navegador del genoma, y su forma de utilización. En ella hay un acceso para abrir el navegador, y una sección con navegación por pestañas donde han plasmado la guía del usuario del navegador. En esta guía explica brevemente la funcionalidades que ofrece, como buscar y completan la información con video-tutoriales. También está disponible la lista de enfermedades que han sido estudiadas para presentar los resultados del análisis.	
<b>URL Alcanzable desde</b>	http://demo.decode.me.com/genome-browser Overview Home::Overview	
<b>Contextos Alcanzables</b>		
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>	
Browser	Open Genome Browser	

<b>Nombre</b>	<b>Data Download</b>	
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel	<input type="checkbox"/> Home Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Este contexto de interacción ofrece a los usuarios el servicio para descargar el análisis genético. No es posible descargarse un fichero de ejemplo con el usuario demo, es necesario estar registrado.	
<b>URL Alcanzable desde</b>	http://demo.decode.me.com/download Overview	

<b>Nombre</b>	<b>SNP Lookup</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> Subsystem <input checked="" type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Desde aquí se puede ver información específica sobre una o varias variaciones. A través de un Text Área se pueden introducir SNPs separadas por comas y el buscador mostrará para cada una de ellas el cromosoma en el que se encuentra, la posición, cadena y código.
<b>URL Alcanzable desde</b>	<a href="http://demo.decode.me.com/snp-look-up">http://demo.decode.me.com/snp-look-up</a> Overview

<b>Nombre</b>	<b>Research Catalog</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel <input type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Muestra el catálogo del obtenido a través del National Human Genome Research Institute (NHGRI) para que pueda ser consultado por los usuarios. Para que facilitar la tarea de búsqueda lista todas las enfermedades (las que incluyen en el análisis y las que no) con el SNP asociado. Cuando el usuario selecciona una de ellas se abre el navegador y muestra más información sobre ella.
<b>URL Alcanzable desde</b>	<a href="http://demo.decode.me.com/research-catalog">http://demo.decode.me.com/research-catalog</a> Overview
<b>Contextos Alcanzables</b>	
<b>Contexto</b>	<b>Alias</b>
Browser	AIDS progression

<b>Nombre</b>	<b>Browser</b>
<b>Tipo</b>	<input type="checkbox"/> Home <input type="checkbox"/> Home Subsystem <input type="checkbox"/> Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel Subsystem <input type="checkbox"/> 1stLevel <input checked="" type="checkbox"/> Sequence
<b>Descripción</b>	Es un applet de Java que se ejecuta en el navegador. A través de esta aplicación es posible ver de manera más precisa donde se encuentran los genes relacionados con cada una de las enfermedades listadas en <i>Research Catalog</i>
<b>URL Alcanzable desde</b>	<a href="http://demo.decode.me.com/genome-browser">http://demo.decode.me.com/genome-browser</a> Genome Browser SNP Lookup Research Catalog Health Works Results::Results Details::Scientific details